

# IV

## PLV Complete Genomes

### Contents

IV-1	Introduction . . . . .	221
IV-2	Sequences . . . . .	223
IV-3	Alignments . . . . .	226

### IV-1 Introduction

Complete genomes of HIV-1, HIV-2, and SIV sequences are represented in the alignment.

For HIV-1, we include representatives of the M group subtypes and CRFs, plus representatives of groups N, O, and P. For HIV-2, we include representatives of group A, group B, HIV-2 CRF\_01AB, and both genome sequences available for other HIV-2 groups (G and U). For the SIVs, we include representatives of all species for which full genome sequences are available. The principle in deciding which sequences to include in this alignment was to provide a representative sampling of all primate lentiviruses which have had complete or nearly complete genomes sequenced. Many HIV-1, HIV-2, SIVsmm and SIVmac genomes were not included, but they can be found in the HIV-1/SIVcpz and HIV-2/SIVsmm alignments. Also, many shorter sequences from PLVs are included in the PLV protein sequence alignments later in this compendium.

On the next page, we include a phylogenetic tree, built using PhyML. As discussed in the 2003<sup>1</sup> and 2005<sup>2</sup> Compendia, there is some evidence of recombination events and/or differential rates of evolution in the history of the primate lentiviruses such that phylogenies of different regions of the genomes are not completely congruent. Thus trees of different subgenomic regions may produce different phylogenetic relationships.

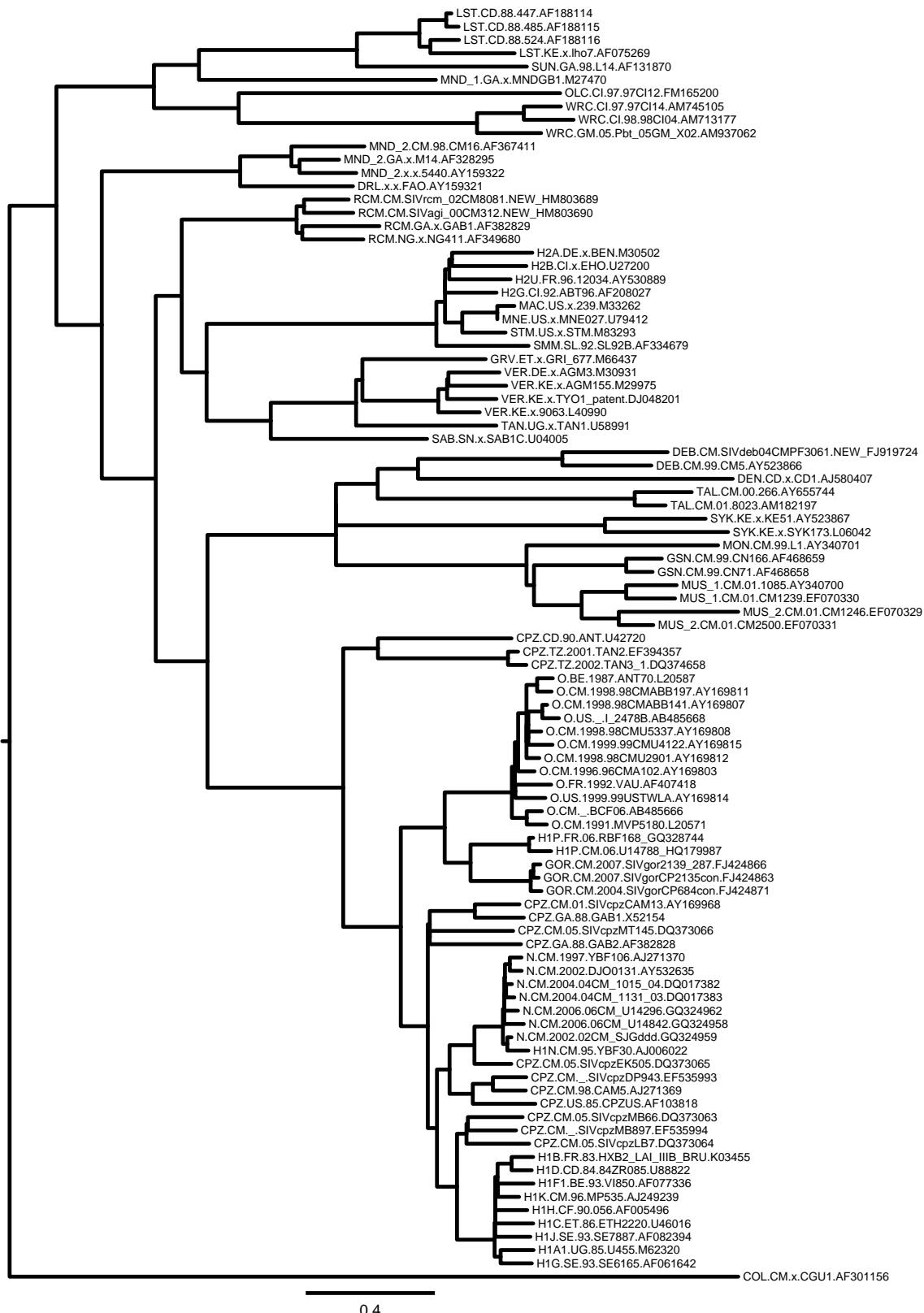
The alignment was based on the previous version published last year, produced by a hidden Markov model using HMMER and manual editing using the programs BioEdit and Se-Al. It is codon-aligned, meaning that the correct translation reading frame has been maintained as much as possible; in the case of overlapping frames, obviously one will not translate correctly. We have tried to “reset” the alignment so that each new gene starts in the first frame; this means some empty columns have been inserted. The HIV-2/SIVsmm *vpx* gene is postulated to be a duplication of the *vpr* gene and thus there may be two alter-

native alignments of this region of the genome, as there are for the duplicated stem-loops of the TAR element.

The annotation is based on known protein coding regions in HIV-1 and on annotations found in SIV sequence database entries. The protein cleavage sites that create Gag p17, Gag p24 and other mature peptides from the Gag and Gag-Pol precursor polyproteins have been experimentally determined for HIV-1 and at least one strain of HIV-2, but the study of analogous cleavages in SIV polyproteins have not been published. Two representative genomes have been translated: HIV-1 subtype B strain HXB2, and MAC239. The translations are provided as a visual aid for finding landmarks in the genomes.

<sup>1</sup><http://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/HIV/COMPENDIUM/2003/7.pdf>

<sup>2</sup><http://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/HIV/COMPENDIUM/2005/7.pdf>



**Figure IV-1:** Genetic relationships among primate lentiviruses (PLVs). This tree shows the inferred phylogenetic relationships in the following PLV complete genome alignment, using PhyML to calculate the tree.

## IV-2 Sequences

Primate lentivirus (PLV) Sequences in the complete genome alignments.

Name	Accession	Country	Author	Reference
H1B.FR.83.HXB2	K03455	France	Wong-Staal, F.	<i>Nature</i> <b>313</b> (6000):277-284 (1985)
H1A1.UG.85.U455	M62320	Uganda	Oram, J.D.	<i>ARHR</i> <b>6</b> (9):1073-1078 (1990)
H1C.ET.86.ETH2220	U46016	Ethiopia	Salminen, M.O.	<i>ARHR</i> <b>12</b> (14):1329-1339 (1996)
H1D.CD.84.84ZR085	U88822	D.R.C.	Gao, F.	<i>J Virol</i> <b>72</b> (7):5680-5698 (1998)
H1F1.BE.93.VI850	AF077336	Belgium	Laukkonen, T.	<i>Virology</i> <b>269</b> (1):95-104 (2000)
H1G.SE.93.SE6165	AF061642	Sweden	Carr, J.K.	<i>Virology</i> <b>247</b> (1):22-31 (1998)
H1H.CF.90.056	AF005496	C.A.R.	Gao, F.	<i>J Virol</i> <b>72</b> (7):5680-5698 (1998)
H1J.SE.93.SE7887	AF082394	Sweden	Laukkonen, T.	<i>ARHR</i> <b>15</b> (3):293-297 (1999)
H1K.CM.96.MP535	AJ249239	Cameroon	Triques, K.	<i>ARHR</i> <b>16</b> (2):139-151 (2000)
O.BE.1987.ANT70	L20587	Belgium	Vanden	<i>J Virol</i> <b>68</b> (3):1586-1596 (1994)
O.CM..BCF06	AB485666	Cameroon	Haesevelde, M.	Unpublished
O.CM.1991.MVP5180	L20571	Cameroon	Takekawa, N.	<i>J Virol</i> <b>68</b> (3):1581-1585 (1994)
O.CM.1996.96CMA102	AY169803	Cameroon	Gurtler, L.G.	<i>ARHR</i> <b>19</b> (11):979-988 (2003)
O.CM.1998.98CMABB141	AY169807	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>19</b> (11):979-988 (2003)
O.CM.1998.98CMABB197	AY169811	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>19</b> (11):979-988 (2003)
O.CM.1998.98CMU2901	AY169812	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>19</b> (11):979-988 (2003)
O.CM.1998.98CMU5337	AY169808	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>19</b> (11):979-988 (2003)
O.CM.1999.99CMU4122	AY169815	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>19</b> (11):979-988 (2003)
O.FR.1992.VAU	AF407418	France	Vartanian, J.P.	<i>J Gen Virol</i> <b>83</b> (Pt 4):801-805 (2002)
O.US.1999.99USTWLA	AY169814	United States	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>19</b> (11):979-988 (2003)
O.US.-I-2478B	AB485668	United States	Takekawa, N.	Unpublished
N.CM.1997.YBF106	AJ271370	Cameroon	Roques, P.	<i>AIDS</i> <b>18</b> (10):1371-1381 (2004)
N.CM.2006.06CM-U14842	GQ324958	Cameroon	Vallari, A.	<i>ARHR</i> <b>26</b> (1):109-115 (2010)
N.CM.2002.DJO0131	AY532635	Cameroon	Bodelle, P.	<i>ARHR</i> <b>20</b> (8):902-908 (2004)
N.CM.2002.02CM-SJGddd	GQ324959	Cameroon	Vallari, A.	<i>ARHR</i> <b>26</b> (1):109-115 (2010)
N.CM.2004.04CM-1015-04	DQ017382	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>22</b> (1):83-92 (2006)
N.CM.2004.04CM-1131-03	DQ017383	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>22</b> (1):83-92 (2006)
N.CM.2006.06CM-U14296	GQ324962	Cameroon	Vallari, A.	<i>ARHR</i> <b>26</b> (1):109-115 (2010)
H1N.CM.95.YBF30	AJ006022	Cameroon	Simon, F.	<i>Nat Med</i> <b>4</b> (9):1032-1037 (1998)
H1P.FR.06.RBF168	GQ328744	France	Plantier, J.-C.	<i>Nat Med</i> <b>15</b> (8): 871-2 (2009)
H1P.CM.06.U14788	HQ179987	Cameroon	Vallari, A.	<i>J Virol</i> <b>85</b> (3): 1403-7 (2011)
CPZ.CD.90.ANT	U42720	D.R.C.	Vanden	<i>Virology</i> <b>221</b> (2):346-350 (1996)
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	AY169968	Cameroon	Haesevelde, M.M.	<i>J Virol</i> <b>79</b> (2):1312-9 (2005)
CPZ.CM.05.SIVcpzM66	DQ373063	Cameroon	Nerrienet, E.	<i>Science</i> <b>313</b> (5786):523-526 (2006)
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	DQ373066	Cameroon	Keele, B.F.	<i>Science</i> <b>313</b> (5786):523-526 (2006)
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	DQ373065	Cameroon	Keele, B.F.	<i>Science</i> <b>313</b> (5786):523-526 (2006)
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	DQ373064	Cameroon	Keele, B.F.	<i>Science</i> <b>313</b> (5786):523-526 (2006)
CPZ.CM.-SIVcpzM897	EF535994	Cameroon	Heuverswyn, F.V.	<i>Virology</i> <b>368</b> (1):155-171 (2007)
CPZ.CM.-SIVcpzDP943	EF535993	Cameroon	Heuverswyn, F.V.	<i>Virology</i> <b>368</b> (1):155-171 (2007)
CPZ.CM.98.CAM5	AJ271369	Cameroon	Muller-Trutwin, M.C.	<i>J Med Primatol</i> <b>29</b> (3-4); 166-72 (2000)
CPZ.GA.88.GAB1	X52154	Gabon	Huet, T.	<i>Nature</i> <b>345</b> (6273):356-359 (1990)
CPZ.GA.88.GAB2	AF382828	Gabon	Bibollet-Ruche, F.	<i>ARHR</i> <b>20</b> (12):1377-1381 (2004)
CPZ.US.85.CPZUS	AF103818	United States	Gao, F.	<i>Nature</i> <b>397</b> (6718):436-441 (1999)
CPZ.TZ.2001.TAN2	EF394357	Tanzania	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> <b>81</b> (14):7463-7475 (2007)
CPZ.TZ.2002.TAN3_1	DQ374658	Tanzania	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> <b>81</b> (14):7463-7475 (2007)

Name	Accession	Country	Author	Reference
GOR.CM.2007.SIVgor2139_287	FJ424866	Cameroon	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> <b>83</b> (4):1635-1648 (2009)
GOR.CM.2007.SIVgorCP2135con	FJ424863	Cameroon	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> <b>83</b> (4):1635-1648 (2009)
GOR.CM.2004.SIVgorCP684con	FJ424871	Cameroon	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> <b>83</b> (4):1635-1648 (2009)
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081	HM803689	Cameroon	Ahuka-Mundeke, S.	<i>J Gen Virol</i> <b>2010</b> Aug 25
RCM.CM.SIVagi-00CM312	HM803690	Cameroon	Ahuka-Mundeke, S.	<i>J Gen Virol</i> <b>2010</b> Aug 25
RCM.GA.x.GAB1	AF382829	Gabon	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> <b>78</b> (14):7748-7762 (2004)
RCM.NG.x.NG411	AF349680	Nigeria	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> <b>75</b> (24):12014-12027 (2001)
H2A.DE.x.BEN	M30502	Germany	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> <b>177</b> (1):305-311 (1990)
H2B.Cl.x.EHO	U27200	Cote D'Ivoire	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> <b>202</b> (1):471-476 (1994)
H2G.Cl.92.ABT96	AF208027	Cote D'Ivoire	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> <b>13</b> (5):401-404 (1997)
H2U.FR.96.12034	AY530889	France	Diamond, F.	<i>ARHR</i> <b>20</b> (6):666-672 (2004)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z.	<i>J Virol</i> <b>70</b> (6):3617-3627 (1996)
MAC.US.x.239	M33262	United States	Kestler, H.	<i>Science</i> <b>248</b> (4959):1109-1112 (1990)
STM.US.x.STM	M83293	United States	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> <b>186</b> (2):783-787 (1992)
MNE.US.x.MNE027	U79412	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> <b>72</b> (1):245-256 (1998)
DEB.CM.SIVdeb04CMPF3061	FJ919724	Cameroon	Aghokeng, A.F.	<i>Infect Genet Evol</i> <b>10</b> (3): 386-96 (2010)
DEB.CM.99.CM5	AY523866	Cameroon	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> <b>78</b> (14):7748-7762 (2004)
DEN.CD.x.CD1	AJ580407	D.R.C.	Dazza, M.C.	<i>J Virol</i> <b>79</b> (13):8560-8571 (2005)
LST.CD.88.447	AF188114	D.R.C.	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> <b>74</b> (8):3892-3898 (2000)
LST.CD.88.485	AF188115	D.R.C.	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> <b>74</b> (8):3892-3898 (2000)
LST.CD.88.524	AF188116	D.R.C.	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> <b>74</b> (8):3892-3898 (2000)
LST.KE.x.lho7	AF075269	Kenya	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> <b>73</b> (2):1036-1045 (1999)
SUN.GA.98.L14	AF131870	Gabon	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> <b>73</b> (9):7734-7744 (1999)
MND-1.GA.x.MNDGB1	M27470	Gabon	Tsujimoto, H.	<i>Nature</i> <b>341</b> (6242):539-541 (1989)
OLC.Cl.97.97CI12	FM165200	Cote D'Ivoire	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> <b>83</b> (1):428-439 (2009)
WRC.Cl.97.97CI14	AM745105	Cote D'Ivoire	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> <b>83</b> (1):428-439 (2009)
WRC.Cl.98.98CI04	AM713177	Cote D'Ivoire	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> <b>83</b> (1):428-439 (2009)
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	AM937062	Gambia	Locatelli, S.	<i>Virology</i> <b>376</b> (1):90-100 (2008)
MND-2.CM.98.CM16	AF367411	Cameroon	Takehisa, J.	<i>ARHR</i> <b>17</b> (12):1143-1154 (2001)
MND-2.GA.x.M14	AF328295	Gabon	Souquiere, S.	<i>J Virol</i> <b>75</b> (15):7086-7096 (2001)
MND-2.x.x.5440	AY159322		Hu, J.	<i>J Virol</i> <b>77</b> (8):4867-4880 (2003)
DRL.x.x.FAO	AY159321		Hu, J.	<i>J Virol</i> <b>77</b> (8):4867-4880 (2003)
MON.CM.99.L1	AY340701	Cameroon	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> <b>77</b> (23):12523-12534 (2003)
GSN.CM.99.CN166	AF468659	Cameroon	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> <b>76</b> (16):8298-8309 (2002)
GSN.CM.99.CN71	AF468658	Cameroon	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> <b>76</b> (16):8298-8309 (2002)
TAL.CM.00.266	AY655744	Cameroon	Liegeois, F.	<i>Virology</i> <b>349</b> (1):55-65 (2006)
TAL.CM.01.8023	AM182197	Cameroon	Liegeois, F.	<i>Virology</i> <b>349</b> (1):55-65 (2006)
MUS-1.CM.01.1085	AY340700	Cameroon	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> <b>77</b> (23):12523-12534 (2003)
MUS-1.CM.01.CM1239	EF070330	Cameroon	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> <b>360</b> (2):407-418 (2007)
MUS-2.CM.01.CM1246	EF070329	Cameroon	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> <b>360</b> (2):407-418 (2007)
MUS-2.CM.01.CM2500	EF070331	Cameroon	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> <b>360</b> (2):407-418 (2007)
SYK.KE.x.KE51	AY523867	Kenya	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> <b>78</b> (14):7748-7762 (2004)
SYK.KE.x.SYK173	L06042	Kenya	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> <b>67</b> (3):1517-1528 (1993)
GRV.ET.x.GRI_677	M66437	Ethiopia	Fomsgaard, A.	<i>Virology</i> <b>182</b> (1):397-402 (1991)

Name	Accession	Country	Author	Reference
SAB.SN.x.SAB1C	U04005	Senegal	Jin, M.J.	<i>EMBO J</i> <b>13</b> (12):2935-2947 (1994)
TAN.UG.x.TAN1	U58991	Uganda	Soares, M.A.	<i>Virology</i> <b>228</b> (2):394-399 (1997)
VER.DE.x.AGM3	M30931	Germany	Baier, M.	<i>Virology</i> <b>176</b> (1):216-221 (1990)
VER.KE.x.9063	L40990	Kenya	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> <b>69</b> (2):955-967 (1995)
VER.KE.x.AGM155	M29975	Kenya	Johnson, P.R.	<i>J Virol</i> <b>64</b> (3):1086-1092 (1990)
VER.KE.x.TYO1_patent	DJ048201	Kenya	Omori, T.	Patent: WO 2007049749-A 13 03-MAY-2007; DNAVEC CORPORATION
COL.CM.x.CGU1	AF301156	Cameroon	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> <b>75</b> (2):857-866 (2001)

## PLV Complete Genomes

## Alignments

PLV Complete Genomes

Genomes

226

	5' LTR U3 start	
H1B.FR.83.HXB2	.TGGAAAGGCTAATTCACTCCAAACGAAGACAAGATATCCTGATCTGTGGACTACCACACAAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACCCA..GGGCCAGGG..ATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTCTACAAGCTAGTACAGTTGAGGCCAGA	163
H1A1.UG.85.U455	.....	0
H1C.ET.86.ETH220	.....	0
H1D.CD.84.84ZR085	.....	0
H1F.BE.93.VI850	.....	0
H1G.SE.93.SE6165	.....	0
H1H.SE.93.00000000	.....	0
H1I.SE.93.00000000	.....	0
H1K.SE.96.MP5887	.....	0
O.BE.1987.ANT70	.....	0
O.CM.-BCFO6	C-----T-----T-----TAA-----GC-----A-----G-----T-----G-----G-----TA-----T-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----C-----G-----TC-----A-----TG-----T-----A-----G-----GTCAGA-----	164
O.CM.1991.MVP5180	.....	163
O.CM.1996.96CMIA02	.....	0
O.CM.1998.98CMABB141	.....	0
O.CM.1998.98CMABB197	.....	0
O.CM.1998.98CMU2901	.....	0
O.CM.1998.98CMU5337	.....	0
O.CM.1999.99CMU4122	.....	0
O.FR.1992.VAU	.....	0
O.US.1995.00000000	.....	0
O.US.1995.00000000	.....	0
N.CM.1997.YBF106	.....	0
N.CM.2006.06CM-U14842	.....	0
N.CM.2006.DJ00131	.....	0
N.CM.2002.02CM-S3Gddd	.....	0
N.CM.2004.04CM-1015-04	.....	0
N.CM.2004.04CM-1131-03	.....	0
N.CM.2006.06CM-U14296	.....	0
H1N.CM.95.YBF30	.....	0
H1P.FR.06.RBF168	.....	0
H1P.CM.06.U14788	.....	0
CPZ.CD.98.ANT	.....	0
CPZ.CM.81.SIVcpzCAM13	.....	0
CPZ.CM.83.SIVcpzMB66	.....	0
CPZ.CM.83.SIVcpzMT145	.....	0
CPZ.CM.85.SIVcpzEK905	.....	0
CPZ.CM.85.SIVcpzLB7	.....	0
CPZ.CM.-SIVcpzMB897	.....	0
CPZ.CM.-SIVcpzDP943	.....	0
CPZ.CM.98.CAM5	.....	0
CPZ.GA.88.GAB1	.....	0
CPZ.GA.88.GAB2	.....	0
CPZ.US.85.CPZUS	.....	0
CPZ.TZ.2001.TAN2	.....	0
CPZ.TZ.2002.TAN2	.....	0
GOR.CM.2007.SIVgor2139_287	.....	0
GOR.CM.2007.SIVgor2139con	.....	0
GOR.CM.2004.SIVgorCP684con	.....	0
RCM.CM.SIVrcm-02CM8881	.....	0
RCM.CM.SIVaqo-00CH312	.....	0
RCM.GA.x.GAB1	.....	0
RCM.NG.x.NG411	.....	0
H2A.DE.x.BEN	C-----A-----GT-----T-----AGTAGGA-----G-----TAGA-----A-----CA-----A-----ACC-----AG-----AA-----AGAGG-----GATAA-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----AT-----A-----A-----G-----A-----G-----C-----A-----TA-----C-----G-----CTG-----GG-----T-----A-----A-----A	158
H2B.CT.x.EHO	.....	158
H2G.CT.92.ABT96	.....	0
H2U.FR.96.12034	.....	0
SMM.SL.92.SL92B	.....	0
	5' LTR U3 start	
MAC.US.x.239	.....	0
STM.US.x.STM	.....	0
MNE.US.x.MNE027	.....	0
DEB.CM.SIVdeb04CMPF3061	.....	0
DEB.CM.99.CMS	.....	0
DEN.CD.x.CD1	.....	0
LST.CD.88.447	.....	0
LST.CD.88.485	.....	0
LST.CD.88.524	.....	0
LST.KE.x.lho7	.....	0
SUN.GA.98.L14	.....	0
MND.1.GA.x.MNDGB1	.....	0
OLC.CI.97.97CI12	.....	0
WRC.CI.97.97CI14	.....	0
WRC.CM.98.388704	.....	0
WRC.GM.05.95.P01.05GM_X02	.....	0
MND.2.CM.98.CM16	.....	0
MND.2.GA.x.M14	.....	0
MND.2.x.x.M440	.....	0
DRL.x.x.FAO	.....	0
MON.CM.99.L1	.....	0
GSN.CM.99.CN166	.....	0
GSN.CM.99.CN71	.....	0
TAL.CM.00.266	.....	0
TAL.CM.01.8023	.....	0
MUS.1.CM.01.1085	.....	0
MUS.1.CM.01.CM1239	.....	0
MUS.2.CM.01.CM1246	.....	0
MUS.2.CM.01.CM2500	.....	0
SYK.KE.x.K51	.....	0
SYK.KE.x.SYK173	.....	0
GRV.ET.x.GRI.677	.....	0
SAB.SN.x.SABIC	.....	0
TAN.UG.x.TAN1	.....	0
VER.DE.x.AGM3	.....	0
VER.KE.x.90663	.....	0
VER.KE.x.AGM155	.....	0
VER.KE.x.TY01_patent	.....	0
COL.CM.x.CGU1	.....	0

H1B.FR.83.HXB2	GAAGTTAGAAGAA.....	GCCAAACAAGGAGAGAACCCAGCTTACACCTGTGAGC.....	CTGCATGGAATGGATGCCGGAGAGAGAAGTGTAGTGAGGTTGACGCCCTAGCATTCATCACATGGCCGAGAGCTGCATC	309	
H1A.UG.85.U455				0	
H1C.ET.86.ETH220				0	
H1D.CD.84.84ZR085				0	
H1F.BE.93.V1859				0	
H1G.SE.93.SE6165				0	
H1H.SE.93.SE6165				0	
H1I.SE.93.SE7987				0	
H1K.CM.96.MP535				0	
0.BE.1987.ANT70	AG-GC--AG-.....	CTA-GAG-T-C-T-I-.....	GCC-T-T-A-T-A-AC-T-A-.....	T-ATCT-GCAACACC-TG-T-TATGATAACT-C-	313
0.CM.-BCF06	-G-GC-GAG-.....	CTG-GT-T-C-AAT-.....	AATT-TTAT-G-TGAAAC-C-AG-.....	T-ATCAT-GCC-CACA-TG-A-T-TGC-AAA-C-	312
0.CM.1991.MVP180	AG-GC-GAG-.....	CTG-GT-T-C-AAT-AG-TG-T-TC-T-.....	AAT-GCT-G-TG-AC-CG-G-GA-AC-A-A-CA-.....	T-ATCAT-GC-T	286
0.CM.1996.96CM102				0	
0.CM.1998.98CMAB141				0	
0.CM.1998.98CMABB197				0	
0.CM.1998.98CMU2901				0	
0.CM.1998.98CMU5337				0	
0.CM.1999.99CMU4122				0	
0.FR.1999.99FRW1				0	
0.US.1999.99USTWLA				0	
0.US.1999.2478B	TG-GC-A-AG-.....	CTG-GA-TGTGT-I-.....	AAC-CT-T-A-T-AC-CG-.....	ATCA-G-GCAACACC-TG-T-TAAGATAACC-C-	312
N.CM.1997.YBF106				0	
N.CM.2006.06CM-U14842				0	
N.CM.2002.D108131				0	
N.CM.2002.02CM-SJGddd				0	
N.CM.2004.04CM-1015-04				0	
N.CM.2004.04CM-1131-03				0	
N.CM.2006.06CM-U14296				0	
H1N.CM.95.YBF30				0	
H1P.FR.06.RBF168				0	
HIP.CM.06.014788				0	
CPZ.CD.01.SIVcpzCAM13				0	
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66				0	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145				0	
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505				0	
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7				0	
CPZ.CM.-SIVcpzMB897				0	
CPZ.CM.-SIVcpzDP943				0	
CPZ.CM.98.CAM5				0	
CPZ.GA.88.GAB1	-C-G---C-.....	TG-T-A-T-C---G-T-CA-AT-TCAGCATGGATGAAAG-.....	A---G-C-G-TC---C-C-.....	A-G-G-C-AAGA-T-T-A-A-AA-	309
CPZ.GA.88.GAB2				0	
CPZ.US.85.CPZUS	G-AG---GCGG-.....	T-C-A-TAC-C-G---CA-T-CAGCATGGATGAAAG-.....	G-C---C-ATC-CA-.....	CTGAA-G-TCGGAGA-GA-TAA-	309
CPZ.TZ.2001.TAN12				0	
CPZ.TZ.2001.TAN3_1				0	
GOR.CM.2007.SIVgor2139.287				0	
GOR.CM.2007.SIVgorCP2135con				0	
GOR.CM.2004.SIVgorCP684con				0	
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081				0	
RCM.CM.SIVvag-00CM312				0	
RCM.GA.x.GAB1				0	
RCM.NG.x.NG411				0	
H2A.DE.x.BEN	CTC-C-C---G-.....	AG-GG-AT-GC-A-T-AG-.....	G-G-GACA-T-CA-.....	TCACT-T-C-	303
H2B.CI.x.EHO	-T-A-C-.....	C-AG-GG-C-AG-A-C-CATT-TC-G-G-T-.....	GA-GACCC-T-TC-CA-.....	TC-TC-A-G-CT-TG-.....	303
H2G.CI.92.ABT96				0	
H2U.FR.96.12034				0	
SMM.SL.92.SL92B				0	
MAC.US.x.239	.GTA-C---T-G-.....	-AC-GG-G-AT--G-GCATTAT-AA-G-T-A-CTCAAACCTCCCAGTGGATG-CCCTTG-.....	.G---G-TC-CA-A-.....	TCCAAC-T-G-C-ACAC-T-TGA-ATAT-TTAGAT-C-	303
STM.US.x.STM				22	
MNE.US.x.MNE027				0	
DEB.CM.SIVdeb64CMPF3061				0	
DEB.CM.99.CM5				0	
DEN.CD.x.CD1				0	
LST.CD.88.447				0	
LST.CD.88.485				0	
LST.CD.88.524				0	
LST.KE.x.lho7	TG-TGAGT-TA-.....	-ATCC-TC-AT--CACAAI-C-T-G-TT-AAGCCAGCTGGGGTCTGGAAACCCCTG-.....	G---GAG-C-TATC-CAC-CA-TCCAATGT-G-.....	T-GACTT-A	288
SUN.GA.98.114	TG-TGA--CAGG-.....	-ATCCT-TCATCTTGTCAAGC-C-AC-G-TT-CAGCCAGAACGGGTTATGAAAG-CCCTTG-.....	G---GAGAC-TATC-CA-.....	T-TGATTT-A	288
MND.GA.x.MNDGB1				0	
OLC.CI.97.97CI12	CCA-GCCT-G-.....	A-CTT-G-AT-GGATGCG-C-G-.....	G---GAGAC-TATC-CA-.....	A-TAC-C-	218
WRC.CI.97.97CI14				0	
WRC.CI.98.98CI04	TTTCACT-GTAAATACA-A-CCAT-CTAT-.....	-A-TCAGACCCCCCTAAACAA-CTG-G-ACT-A-GG-.....	G---CATC-G-TC-CA-A-.....	CCTAAG-G-C-TGTGATTITGT-CAGGAAGA-	306
WRC.GM.95.Pbt.05GM_X02	TTTAGT-.....	GA-AT-AG-C-G-T-.....	G---GATC-G-TC-CA-.....	TGTGACTTTGTG-CAAAGTAGA-	306
MND-2.CM.98.CM16				0	
MND-2.GA.x.M14				0	
MND-2.x.x.5440				0	
DRL.x.x.FAO				0	
MON.CM.99.L1				0	
GSN.CM.99.CN166				0	
GSN.CM.99.CN71				0	
TAL.CM.00.266				0	
TAL.CM.01.8023				0	
MUG-1.CM.1.0085				0	
MUG-1.CM.01.CM1239				0	
MUG-2.CM.01.CM1246				0	
MUS-2.CM.01.CM2500				0	
SYK.KE.x.KE51				0	
SYK.KE.x.SYK173				0	
GRV.ET.x.GRI.677				0	
SAB.SN.x.SABIC				0	
TAN.UG.x.TAN1				0	
VER.DE.x.AGM3				0	
VER.KE.x.9063				0	
VER.KE.x.AGM155				0	
VER.KE.x.TY01 patent				0	
COL.CM.x.CGU1				0	

# PLV Complete Genomes

## Alignments

PLV Complete Genomes

Genomes

	TCF-1 alpha	TGCTGACA	
H1B.FR.83.HXB2	CGGAGTACTTCAGAAC.	.....	334
H1A1.JG.85.U455	.....	.....	0
H1C.ET.86.ETH085	.....	.....	0
H1D.CD.84.84ZR085	.....	.....	0
H1F.BE.93.VI850	.....	.....	0
H1G.SE.93.SE6165	.....	.....	0
H1H.SE.93.00000000	.....	.....	0
H1I.SE.93.SE7887	.....	.....	0
H1K.SE.96.MP535	.....	.....	0
O.BE.1987.ANT70	-A---CT---C---G-	GA---A---	338
O.CM.1991.BCF06	-A---CT---CCC-A-	-AACT-AG	337
O.CM.1991.MVP5180	AAC-CATA-AGCCCTG-	AAAAA-CAC	311
O.CM.1996.96CM102	.....	.....	0
O.CM.1998.98CMABB141	.....	.....	0
O.CM.1998.98CMABB197	.....	.....	0
O.CM.1998.98CMU2901	.....	.....	0
O.CM.1998.98CMU5337	.....	.....	0
O.CM.1999.99CMU4122	.....	.....	0
O.FR.1992.VAU	.....	.....	0
O.US.1999.24788	-A---T---CCC-G-	GA---A-	335
N.CM.1997.YBF106	.....	.....	0
N.CM.2006.06CM-U14842	.....	.....	0
N.CM.2002.DJ08131	.....	.....	0
N.CM.2002.02CM-S3Gddd	.....	.....	0
N.CM.2004.04CM-1015-04	.....	.....	0
N.CM.2004.04CM-1131-03	.....	.....	0
N.CM.2006.06CM-U14296	.....	.....	0
H1N.CM.95.YBF30	.....	.....	0
H1P.FR.06.RBF168	.....	.....	0
H1P.CM.06.U14788	.....	.....	0
CPZ.CD.98.ANT	.....	.....	0
CPZ.CM.81.SIVcpzCAM13	.....	.....	0
CPZ.CM.83.SIVcpzMB66	.....	.....	0
CPZ.CM.83.SIVcpzMT145	.....	.....	0
CPZ.CM.85.SIVcpzEK905	.....	.....	0
CPZ.CM.85.SIVcpzLB7	.....	.....	0
CPZ.CM.-SIVcpzMB897	.....	.....	0
CPZ.CM.-SIVcpzDP943	.....	.....	0
CPZ.CM.98.CAM5	.....	.....	0
CPZ.GA.88.GAB1	-A---AG-	--T	331
CPZ.GA.88.GAB2	.....	.....	0
CPZ.US.85.CPZUS	-A-----CG-	--TG	331
CPZ.TZ.2001.TAN2	.....	.....	0
CPZ.TZ.2002.TAN2	.....	.....	0
GOR.CM.2007.SIVgor2139_287	.....	.....	0
GOR.CM.2004.SIVgor0PP135con	.....	.....	0
GOR.CM.2004.SIVgorCP684con	.....	.....	0
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081	.....	.....	0
RCM.CM.SIVaqo_00CH312	.....	.....	0
RCM.GA.x.GAB1	.....	.....	0
RCM.NG.x.GA11	.....	.....	0
H2A.DE.x.BEN	-A---AG-G-TGG-C-AAG-	TGGAAGGCAAAACTGAAAGCAAGAGGGATAACCATATAGTAA-	411
H2B.CT.x.EHO	-A---G-G-TGG-T-TCAG-	TGGAAGCTAACTGAGGCAAGAGGAATACCTACAGAG-	414
H2G.CT.92.ABT96	.....	.....	0
H2U.FR.96.12034	.....	.....	0
SMM.SL.92.SL92B	.....	.....	0
	TCF-1 alpha		
MAC.US.x.239	-A---AG-G-TGG-G-AAG-..TCAGGCCCTGTCAGAGGAAGAG-..GTTAGAAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCCCTCTAAACATGGCTGACAAGAAGGAAACTCGC	..GAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCCCTCTAAAGATGGCTGACAAGAAGGAAACAGC	407
STM.US.x.XSTM	.....	.....	80
MNE.US.x.MNE027	.....	.....	0
DEB.CM.SIVdeb04CMPF3061	.....	.....	0
DEB.CM.99.CMS	.....	.....	0
DEN.CD.x.CD1	.....	.....	0
LST.CD.88.447	.....	.....	0
LST.CD.88.485	.....	.....	0
LST.CD.88.524	.....	.....	0
LST.CE.x.lho7	TA---CCCT-AAA-C-GCCCTGGAAGATAACAAATACT	.GCTTCGCTTTGACTGAAAGAGGAAG	401
SUN.GA.98.L14	G---CCATACAG--C-CTCTGAAAGTTCAACGATGTT	..ACTAGTCGAGTGGGAGGTG	383
MND.1.GA.1.MNDGB1	.....	.....	0
OLC.CI.97.97CI12	TTA---AAGG---CATGTTCAAGTCATAGGATG	..TGTTTGTGTTGAAAG	318
WRC.CI.97.97CI14	TCCCTGGACAGTCA-T-GCCATGGAAAGAGGCCATTGAG	..AGTCCTATAAAGAAAGAACAGTGCAAG	422
WRC.GM.98.98GM04	..AGTCCTATAAAGAAAGAACAGTGCAAG	..AGAGACATGTTGAGTAGGAAGTGGCTTAAGCTACAT	425
WRC.GM.05.P01.05GM_X02	TCCCTGGACAT-TA-TAGCCCCAAGGAAGATGCTATTGAGCCTCCATAAAAGAAAGCTGAAGCCGACACAG	..AGAGACATGTTGAGTAGGATGTTGTTGCTACAT	0
MND.2.GA.95.CM16	.....	.....	0
MND.2.GA.x.M14	.....	.....	0
MND.2.x.x.M440	.....	.....	0
DRL.x.x.FAO	.....	.....	0
MON.CM.99.L1	.....	.....	0
GSN.CM.99.CN166	.....	.....	0
GSN.CM.99.CN71	.....	.....	0
TAL.CM.00.266	.....	.....	0
TAL.CM.01.8023	.....	.....	0
MUS.1.CM.01.1085	.....	.....	0
MUS.1.CM.01.CM1239	.....	.....	0
MUS.2.CM.01.01246	.....	.....	0
MUS.2.CM.01.CM2500	.....	.....	0
SYK.KE.x.KE51	.....	.....	0
SYK.KE.x.SYK1	GGTG-G-GA-GGCCG-TTCAGTCAAGAGAACAA	..GGAAAACACAAAGAGCTGCAGTCAGCACCTAGTAAGAACATCTCC	289
GRV.ET.x.GRI.677	GGCC-G-C-TGTTAAAGGACATGCAGAACAT	..GCAAAGCC..	341
SAB.SN.x.SABIC	TT-CT-GGAGGCT-C-CAAGCAGCAGTCAGCA	..CAAGGC	352
TAN.IUG.x.TAN1	ACCC-G-C-G-TTTAAGGACATGCATGTTCTT	..GTTAAGAGGAAG	386
VER.KE.x.AGM3	ACCCCA---AGAC-T-TTTGAAAGCATGCATGCAATA	..GTGAAGAGGAAG	0
VER.KE.x.9063	ACCCCA-CAAGGG-T-TTTACAGACTTATTCACAA	..GTGTTGACAGGAAC	367
VER.KE.x.AGM155	ACCCCA-TCGGG-T-TTTACTGACATGCATGGCTG	..GTGAAGAGGAAG	370
VER.KE.x.TY01_patent	.....	.....	0
COL.CM.x.CGU1	.....	.....	368

	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA Box
H1B.FR.83.HXB2	TCGAGCTTGCT..ACA..AGGACTTCCG	CTGGGACT..TTCCAG	GG..AGGGTGG.CCTGGGGGGACTGGGAGTGGCGA	GCCCT..CAGATCTGCATAT	429	
H1A1.UG.85.U455					0	
H1C.ET.86.ETH220					0	
H1D.CD.84.84ZR085					0	
H1F.BE.93.VI850					0	
H1G.SE.93.SE6165					0	
H1H.SE.93.00000000					0	
H1I.SE.93.7887					0	
H1K.CM.96.MP535					0	
0.BE.1987.ANT70	ACTGTCACCTGA..AGATTGCTG..CTGT..A..A..GCAAAAGACTGCTGACACTGC	TG..	AG..ACA..GGGC..TTC..GGA..T..CTAA..	AG..	464	
0.CM.1996.BCF06	ACTGC..TAACATGAAGATTGCTG..CTGC..AAACTGCTGACACTG	CGTG..	AG..ATAA..GGGC..TTC..GGA..T..CTAA..	G..	460	
0.CM.1991.MVP5180	CCAGAGC..TCT..CCCAAAGTAATG..CTGC..AGACTGCTGACACTGC	CGTG..	AG..ATAA..GGGC..TTC..GGA..T..CTAA..	G..	436	
0.CM.1996.96CMIA02					0	
0.CM.1998.98CMABB141					0	
0.CM.1998.98CMABB197					0	
0.CM.1998.98CMU2901					0	
0.CM.1998.98CMU5337					0	
0.CM.1999.99CMU4122					0	
0.FR.1992.VAU					0	
0.US.1999.GSTWLA					0	
0.US.2000.24788					0	
N.CM.1997.YBF106	AACTGC..TCAACATGAAGGTTGCTG..CTGT..A..ACAAGAAC.TGCTGACATG	CATG..	AG..ACAA..GGGC..TTC..GGA..T..CTAA..	AG..	464	
N.CM.2006.06CM-U14842					0	
N.CM.2002.DJ00131					0	
N.CM.2002.02CM-S3Gddd					0	
N.CM.2004.04CM-1015-04					0	
N.CM.2004.04CM-1131-03					0	
N.CM.2006.06CM-U14296					0	
H1N.CM.95.YBF30					0	
H1P.FR.06.RBF168					0	
H1P.CM.06.U14788					0	
CPZ.CM.98.ANT					0	
CPZ.CM.81.SIVcpz:CAM13					0	
CPZ.CM.83.SIVcpz:MB66					0	
CPZ.CM.83.SIVcpz:MT145					0	
CPZ.CM.85.SIVcpz:EK505					0	
CPZ.CM.85.SIVcpz:L87					0	
CPZ.CM.-SIVcpz:MB897					0	
CPZ.CM.-SIVcpz:DP943					0	
CPZ.CM.98.CAM5	GGCCTGGCAG..AAC..G..A..TAA..	A..	GG..A..GCTCA..ACA..C..TTTC..A..	AG..	105	
CPZ.GA.88.GAB1	TTAG..ACTGGCGCATGGCG..ACAAGAAC..G..TCTGC..AA..	G..	AGA..GTG..TCGGGA..GT..T..TTT..	AG..	449	
CPZ.GA.88.GAB2					0	
CPZ.US.85.CPZUS	GCTGTAACCGCGCAGCGC..AATA..AAC..G..CTG..A..TAA..GGGACTTTCAA..G..	AAGG..GTG..T..A..A..ACA..C..TTTT..A..	A..A..GA..	456		
CPZ.TZ.2001.TAN2					0	
CPZ.TZ.2002.TAN2					0	
GOR.CM.2007.SIVgor2139_287					0	
GOR.CM.2008.SIVgor2135con					0	
GOR.CM.2004.SIVgor:GP684con					0	
RCM.CM.SIVrcm-02CM881					0	
RCM.CM.SIVago-00CH312					0	
RCM.GA.x.GAB1					0	
RCM.NG.x.NG411					0	
H2A.DE.x.BEN	AGGAGGAAAGTAGCTA..CTAAGAA..C..AGCTGA..GGCTGC..A..	GAA..GGC..GTA..C..	CAAG..A..G..AC..A..A..AG..T..G..GAA..	CAT..CT..A..T..A..	529	
H2B.CI.x.EHO	AGCTAACACTGACATAGAGAAGGA..CTAGCTGA..TACTGC..A..	GAA..GGC..GTA..C..	A..TG..A..G..AC..A..A..AG..A..AG..AA..	ATCA..CT..T..T..A..	532	
H2G.CI.92.ABT96					0	
H2U.FR.96.12034					0	
SMM.SL.92.SL92B					0	
	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I			TATA Box	
MAC.US.x.239	-ACAGC..A..	CAA..GGA..GTT..CGGG..GAGGACT..GGA..GAGCG..G..C..GAACG..	ACTTTCT..GA..T..A..	492		
STM.US.x.STM	GACAGC..A..	CAA..GGC..GTA..CA..GGA..G..TAC..TG..AG..A..CTG..T..G..AA..	TTT..CT..T..T..A..	165		
MNE.US.x.MNE027			T..CT..ATG..AA..T..TA..GTACTTCCA..TT..CTAAGGAGA..A..CATGCC..A..TGAGGG..G..	60		
DEB.CM.SIVdeb04 CMPF3061				0		
DEB.CM.99.CMS				0		
DEN.CD.x.CD1				0		
LST.CD.88.447				0		
LST.CD.88.485				0		
LST.CD.88.524				0		
LST.CE.x.lho7	GGCAACCAGGGCTAGCGCATGCG..A..TGGCTTGGCTG..GAGC..A..	GGACGGGC..GGAGG..T..	GCC..CT..G..	490		
SUN.GA.98.L14	GGCAACCAGGGCTAGCGCATGCG..A..GC..GC..TAGAGT..	GACAG..AGGG..A..GC..T..	ACC..CT..A..	463		
MND.1.GA.x.MNDGB1			GGAGTCTCTACTACAGA..T..	17		
OLC.CI.97.97CI12	A..T..CCT..TTG..G..TTTGCCC..	A..	T..	349		
WRC.CI.97.97CI14	CTTGAGAC1GTTACACACCGA..TTAGCAA..CATGC..ATG..ACTGGGACAT..GGGAGGAGAC..T..GGGAGGAGC..G..C..	GGTT..G..CCT..A..	515			
WRC.CM.98.98CM04	CTTGAGCTCTGTGACCAACGAA..TTAGCAA..CATGC..ATGACTGGGAC..T..GTGGAGACTGGGAGAGA..T..T..	GGTT..G..CCT..A..	518			
WRC.CM.65.P01.05GM_X02				0		
MND.CM.95.CM16				0		
MND.2.GA.x.M14				0		
MND.2.x.x.M440				0		
DRL.x.x.FAO				0		
MON.CM.99.L1				0		
GSN.CM.99.CN166				0		
GSN.CM.99.CN71				0		
TAL.CM.00.266				0		
TAL.CM.01.8023				0		
MUS-1.CM.01.1085				0		
MUS-1.CM.01.CM1239				0		
MUS-2.CM.01.CM1246				0		
MUS-2.CM.01.CM2500				0		
SYK.CE.x.KE51				0		
SYK.CE.x.SYK1	CCCCAGGGGA..	C..GGC..CCAGGGACTTCCACA..GGGG..AA..G..CA..CT..	T..CTG..AGGC..GTACAGGGGC..TACTGGGA..T..GC..T..	A..	335	
GRV.ET.x.GRI.677	..A..CTT..GGG..TT..	T..GTG..GG..GGAGA..	..ATG..AGGC..GTACAGGGGC..TACTGGGA..T..GC..T..	A..	444	
SAB.SN.x.SABIC	GAGTTGTCATGGTGATGACAT..AAGAAC..GAC..TGAG..A..	CTGG..CG..ACTGGGA..T..GC..T..	G..CCGT..C..G..CA..	454		
TAN.UG.x.TAN1	GAAGTGC..	A..	G..TG..TGGA..GGC..TACITGGGA..T..GC..T..	ACCTCTAGAG..A..	464	
VER.DE.x.AGM3				0		
VER.CE.x.9063	CGGTGCGGAGGAGATGACAT..T..AAC..GAC..G..	A..AGGGACTTTCAA..	..G..CG..AC..GGC..T..AC..GGGA..T..GT..T..	TACCTCTAGAG..A..	478	
VER.CE.x.AGM155	TGGTTGCTTAGGAGATGACAT..AAGAAC..GAC..G..	A..GCACGGGGACTTCAA..	A..CG..ACAT..GGC..T..AC..GGGA..T..GC..T..	TACCTCTAGAG..A..	482	
VER.CE.x.TY01 patent	ACATCACCTAGGAGATGACAT..AA..AAC..GAC..	AGCGGAAGGGACTTTCAA..	A..CG..ACAT..GGC..T..CC..GGGA..T..GC..T..	TACCTCTAGAG..A..	481	
COL.CM.x.CGU1				0		

		+1 mRNA start site			
		TAR element start	5' LTR U3 end	5' LTR R repeat begin	
		TATA Box	GGGCTCTCTGGTTAGACCAAGA...TCTGAGCGCTGGGAG...CTCTCT...GGCTA ACTA...GGG AACCCACTGCTTA...AGCCT...		
H1A1.FR.83.HXB2	AAGCAGCTGCT...TTTGCGCTGTACT...				
H1A1.JG.85.U455					
H1C.ET.86.ETH220					
H1D.CD.84.84ZR085					
H1F1.BE.93.VI850					
H1G.SE.93.SE6165					
H1H.CF.98.056					
H1J.SE.93.SE7887					
H1K.CH.96.M535					
O.CM.1996.ANT170	-C---C---C---C...		-GG-TAGAG-G-C-C-C-TG-G-CG-C...	561	
O.CM.1996.RCF06	-C---C---C...		-GG-TAGAG-G-C-C-C-TG-G-CG-C...	556	
O.CM.1991.MVP5180	-CC-T-C...		-TAG-TAGAG-G-C-C-C-TG-G-CG-C...	532	
O.CM.1996.96CM192					
O.CM.1998.98CMAB8141					
O.CM.1998.98CMAB817					
O.CM.1998.98CMU2901					
O.CM.1998.98CMU5337					
O.CM.1999.99CMU4122					
O.FR.1992.VAU			-GTCTCGTTAG-A-CAG.GTCTGAG-CC-GA...GCTC-C.T--CT...-CTG---G---CG-	72	
O.US.1999.99USTWLA	-C---C---T---C...		-GG-TAGAG-G-C-T-C-TG-G-CG-C...	560	
O.US.-I-24788					
N.CM.1997.YBF106					
N.CM.2000.0611-U14842					
N.CM.2002.0009-31					
N.CM.2002.02CM-S3Gddd					
N.CM.2004.04CM-1015-04					
N.CM.2004.04CM-1131-03					
N.CM.2006.06CM-U14296					
H1N.CM.95.YBF30	-C-CG-TGTACT...		-T-C-G-TA-G...	85	
H1P.FR.06.RBF168					
H1P.CM.06.U14788					
CPZ.CD.99.ANT			-CAC-G-T-C-C-AGT...A...	67	
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13			-T-G-A-C-A...	70	
CPZ.CM.05.SIVcpzM86			-GCA...A...	69	
CPZ.CM.05.SIVcpzM1145			-ATAGGA...A...	71	
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505			-TC-TGAG...A...	69	
CPZ.CM.05.SIVcpzM87			-T-C-G-TA-C...	200	
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897			-T-CAC-G-T...	544	
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943			-TC-C-AGA-AA...	550	
CPZ.CM.98.CAMS	-C---C---T---G...		-C-TG-CTAAACTG...	74	
CPZ.GA.88.GAB1	-C---C...		-G-AC-A...	74	
CPZ.GA.88.GAB2			-G-AC-A...	68	
CPZ.US.85.CPZUS	-C---C-C-T...		-G-AC-A...	68	
CPZ.TZ.2001.TAN2					
CPZ.TZ.2002.TAN3.1					
GOR.CM.2007.SIVgor2139.287					
GOR.CM.2007.SIVgorCP2135con					
GOR.CM.2004.SIVgorP684con					
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081					
RCM.CM.SIVrcm-00CM312					
RCM.GA.x.GAB1					
RCM.NG.x.NG411					
H2A.DG.BEM	-T-T-C-C---T-C-GCAT---T-C...	AGTCGCTCTCGGGAGGGCTGGCAGATCGAGCCCTGAGAGGTTCTCT...	-G-CTGGGTGTTCTG-A...	CCAGT-ITGGCCG-GTACTGG-AGAG	674
H2B.CI.x.EHO	-T-T-C-C---T-G-GCAT---T-C...	AGTCGCTCTCGGGAGGGCTGGCAGATCGAGCCCTGGAGGTTCTCT...	-G-CTGGGTGTTCT-A...	CCAGC-ITGGCCG-GTACTGG-AGAG	677
H2G.CI.92.ABT96					
H2U.FR.96.12034	-T-T-C-C---CT-GCAT---T-C-GCAT---T-C...	AGTCGCTCTCGGGAGGGCTGGCAGATAGGCCCAGAGGTTCTCT...	-G-CTGGGTGTTCT-ACT-A...	CCAGT-ITGGCCG-GTACTGG-AGAG	170
SMM.SL.92.SL92B					
		+1 mRNA start site			
		TAR element start	5' LTR U3 end	5' LTR R repeat begin	
		TATA Box	GGGCTCTCTGGTTAGACCAAGA...TCTGAGCGCTGGGAG...CTCTCT...GGCTA ACTA...GGG AACCCACTGCTTA...AGCCT...		
MAC.US.x.239					
STM.US.x.STM					
MNE.CM.0027					
DEB.CM.SIVdeb04CMPF3061					
DEB.CM.99.CM5					
DEN.CD.x.CD1					
LST.CD.88.447					
LST.CD.88.485					
LST.CD.88.524					
LST.CD.91.U77					
SUN.GA.98.L14					
MND.1.GA.x.MNDGB1					
OLC.CI.97.97C12					
WRC.CI.97.97C114					
WRC.CI.98.98C104					
WRC.GM.05.Pbt.05GM_X02					
MND.2.GA.x.M14					
MND.2.x.x.5440					
DRL.x.x.FAO					
MON.CM.00.1.1					
GSN.CM.99.CN166					
GSN.CM.99.CN71					
TAL.CM.00.266					
TAL.CM.01.8023					
MUS.1.CM.01.1085					
MUS.1.CM.01.CM1239					
MUS.2.CM.01.CM1246					
MUS.2.CM.01.CM2500					
SYK.KE.x.KE51					
SYK.KE.x.SYK173					
GRV.ET.x.GRI.677					
SAB.SN.x.SAB1C					
TAN.CM.x.TAN1					
VER.FR.x.VER1					
VER.FR.x.9063					
VER.KE.x.AGM155					
VER.KE.x.TY01 patent					
COL.CN.x.CGU1					

	Poly-A signal	5' LTR R repeat end	5' LTR U5 start	Extensive secondary structure
H1B.FR.83.HXB2	C.AATAAACG.C.	TTGCCCTTG..AGT...GCTTCA.AGTA..GTGTGTGCCGCTG.TT.GT.....GT	576	
H1A1.UG.85.U455		G.....AT.....	46	
H1C.ET.86.ETH2220		T.....TT.....	0	
H1D.CD.84.84ZR085			90	
H1F1.BE.93.VI805			0	
H1G.SE.93.SE6165			0	
H1H.CF.98.056			0	
H1J.SE.93.SE7887			0	
H1L.CM.93.535			0	
0.BE.1987.ANT70			0	
0.CM.1991.BCF06			0	
0.CM.1991.MVP5180			606	
0.CM.1996.96CM102			602	
0.CM.1998.98CMABB141			578	
0.CM.1998.98CMABB197			0	
0.CM.1998.98CMU2901			0	
0.CM.1998.98CMU537			0	
0.CM.1999.99CMU4122			0	
0.FR.1992.VAU			118	
0.US.1999.99USTWLA			0	
0.US.1999.99USTWLA			606	
N.CM.1997.YBL106			0	
N.CM.2006.06CM-U14842			0	
N.CM.2006.DJ00131			0	
N.CM.2002.02CM-S3Gddd			0	
N.CM.2004.04CM-1019-04			0	
N.CM.2004.04CM-1131-03			0	
N.CM.2006.06CM-U14296			0	
H1N.CM.95.YBF30			135	
H1P.FR.06.RBF168			39	
H1P.CM.06.U14788			47	
CP2.CD.99.ANT			0	
CP2.CM.01.SIVcpzCAM13			118	
CP2.CM.03.SIVcpzMB66			121	
CP2.CM.03.SIVcpzM145			111	
CP2.CM.03.SIVcpZEK505			119	
CP2.CM.05.SIVcpzB7			122	
CP2.CM.05.SIVcpzMB897			120	
CP2.CM.05.SIVcpzDP943			120	
CP2.CM.98.CAMS			251	
CP2.GA.88.GAB1			0	
CP2.GA.88.GAB2			596	
CP2.US.85.CPZUS			0	
CP2.TZ.2001.TAN2			600	
CP2.TZ.2002.TAN3 1			124	
GOR.CM.2007.SIVgor2139_287			124	
GOR.CM.2007.SIVgorPZ135con			118	
GOR.CM.2004.SIVgorP684con			118	
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081			37	
RCM.CM.SIVrcm-00CM312			0	
RCM.GA.X.GAB1			0	
RCM.NG.X.NG411			0	
H2A.DE.X.BEN	GGCTC.CAAGCTTG..	CTTG.CT.T..AAAG..ACCTCTT	A..TTAGAACGAAAGTT..AGT..T..A..C..C.CTAGTCGCCGCC..	767
H2B.CI.X.EHO	GGCTC.CAAGCTTG..	CTTG.CT.T..AAAA..CCCTCTT	A..TTAGAACGAGAC..AGT..T..A..C..C.CCTAGTCGCCGCC..	769
H2G.CI.92.ABT96	Y..GGCTC.CAAGCTTG..	CTTG.CT.T..ACAAAG..ACCTCTT	GC..AAAT..TAAAGATTAAG..AGTGT..T..A..C..C.CCTAGTCGCCGCC..	138
H2U.FR.12.10234	T..GACTC.CAAGCTTG..	CTTG.CT.T..AAAA..CCCTCTT	AGT..TAAAGACGAG..TA..GT..T..A..C..C.CCTAGTCGCCGCC..	263
SMM.SL.92.SL92B	...GGCTC.CAAGCTTG..	CTTG.CT.T..GACTCT	G..C..AACT..TAAAGACGAGCT..AG..T..T..A..C..C.CCTAGTCGCCGCC..	208
TAR element end			Poly-A signal	5' LTR R repeat end 5' LTR U5 start
MAC.US.X.239	T..GACTC.CAAGCTTG..	CTTG.CT.T..AAAG..CCCTCTT	-A..T..TTAGAACGTAAG..T..GT..T..A..C..C.CTAGCGCCGCC..	731
STM.US.X.23M	T..GACTC.CAAGCTTG..	CTTG.CT.T..ATAAG..ACCTCTT	AAT..TTAGAACGTAAG..C..AGT..T..A..C..C.CTAGCGCCGCC..	404
STM.US.X.23M	T..GACTC.CAAGCTTG..	CTTG.CT.T..AAAG..ACCTCTT	T..TAAAGACGTAAG..C..GC..T..A..C..C.CTAGCGCCGCC..	212
DEB.CM.SIVdeb04CMPPF3061	GG.....AT.GCTAGCTCTGGCACGCTTGT..CTT..AGCTGCAATTCTATTGCCAG	TG..GTAAG..CAGCAA..C..C..T..TCA..CA..CAGAGCTCTAGTG	326	
DER.CM.99.CMS	GG..TTAGTACTCTGGCACGCTTGT..CTT..GCTGCAATTCTATTGCCAG	TG..GTAAG..C..GCAA..CTG.CCTCATATTGACTCCAGG..	197	
DEN.CD.X.CD1	ATTG..CAACAGTACCCAGACAACTTG..CTCG..TGCTGCTTTG..ATGACCATTA	TCA..TTAA..C..GGA..TCT..CTTCCTCATATTGTTGTTCC..	178	
LST.CD.88.447				0
LST.CD.88.485				0
LST.CD.88.524				0
LST.KE.X.lh07	GGCTGATCA..GCCTAGGGAGC..TAAGGGCTCTAG..CTTG..CT..ACTTTAAA..G..CCTT	AA..G..TCAT..T..TAAAGAG..AC..AGC..TA..CT..ATAG..AG..CTCTTCTCTCT..	727	
SUN.GA.98.L14	G..CCTGA.TCAGCTT..GGGAGCTAGAGGCTC..CTTG..CT.T..TGCACTACA..AG..CCTT	CC..A..G..T..TTAGAACG..AA..GTA..T..T..G..TC..C..TCCTTCTCTCT..	696	
MND.1.GA.X.MNDGB1	CTTG..CTAT..TGTCTT	TAAC..TAGAA..TAAAGACGAG..G..GTA..T..T..AT..G..CGCTCTCTCT..	211	
OLC.CI.97.97CI12	AGTAAGAACCTTCAAG..CTTGT..GAGAGA..	AGTC..TTGACTTAGAACAGAC..GAGTCAGTAGTC..TAT..TGGCAAA..TAAG..AACCTGTT..	548	
WRC.CI.97.97CI14	AGGCTGTCACTCTGGCTTGT..CTTG..CT..G..TT..GAGAGA..	GCTGAG..AA..AGAACGACT..C..CT..G..GTGTT..AC..CATCAGGT..	753	
WRC.GA.98.98CI104	AGTGTGTC..CTTGTCTT..CTTG..TTA..GGAGTTTTGA..TT	AGCC..TTGCTT..CAAGCA..TGAAGTT..GTAGTT..CAT..T..A..ACAG..AG..AACCTGTT..	755	
WRC.GA.98.P01.05GM X02	TCTCGG..T..GGCCAAGAGGCTGTGGATTGACTACCG..CTTG..CT..GCTTT..TAAGAGCT..	AG..C..A..CAAGTAAGAA..AAGCA..GTG..ACT..G..C..A..T..GCTTTGGT..	367	
MND.2.CM.98.CM16	AGCAATCTC..TAGGCAGAGATGTGGGTTAGACTACCG..CTTG..CT..GCTT..ATTGATGCT..	G..C..A..A..GA..TTAGAA..TAGCA..GTA..A..GT..GTCA..T..GCTCTTGT..	289	
MND.2.GA.X.M14				0
MND.2.X.5440				0
DRL.X.X.FAO				0
MON.CM.99.L1	G..CCTAGAGAGTTGGTGAAGCTGACCCGGCTCGT..CT..T..TAGTA..AGGCCCTACAGCC..	CT..CCAAG..T..AA..CGAG..CTGCTC..C..AT..CATTTG..TC..AGGTGGGCTT..	130	
GSN.CM.99.CN166	CGGCTCTGGAGGCCCTT..GCTAG..AAAGACGTTAGAAATTTCGCTT..CT..T..GCTTAAGGCT..TATGACT..	CT..C..AAAG..T..TAA..CGAG..CTGCTC..C..AT..CATTTG..G..GA..C..GCTTGG..	168	
GSN.CM.99.CN71	CGGCTCTGGAGGCCCTT..CTAGAG..GACGGTAGATTCTCGCTT..CT..T..GCTCTAGGCG..TTTATGCT..	CT..C..AAAG..T..TACAGCAAG..CTGCTC..C..AT..CATTTG..G..GA..C..GCTTGG..	176	
TAL.CM.00.266	TGGGAGACCTTGCCTGTAACGCTAGTAGACATCCGCTGTTGCTTCCGAAGGCCCTTAAACATAGCC..	TG..TTCA..AAGAGCAGAC..GTGTGAGGCCCA..C..TGGA..C..GGGG..GTGCTGGTCCC..	196	
TAL.CM.01.8023				0
MUS-1.CM.01.1085	CGGCTCTGGAGGCCCTT..CCTAG..GAGTACTGATTCTGGCTT..CT..T..TGCTTGAAGC..TTATTG..AAGGCCA..	G..TAG..A..AAC..AAG..CAAGCT..	123	
MUS-1.CM.01.CM1239	CGGCTCTGGAGGCCCTT..CCTAG..GAGAACCTGTTCTGGCTT..CT..T..TGCTTGAAGC..TTATTG..AAGGCCA..	TCC..AAAC..AAC..GGCA..TC..A..TCA..C..GT..GGCGCTAA..	144	
MUS-2.CM.01.CM1246	CGGCTCTGGAGGCCCTT..CCTAG..GGGTTAGACCCGGCTCGCTT..CT..T..CGACAAA..GGCTTCTACATGCC..	CT..AAC..AAC..AGC..GGCA..TC..A..TCA..CA..T..GGGGCGCG..	172	
MUS-2.CM.01.CM2500	CGGCTCTGGAGGCCCTT..CTCAG..AAGGAATAGACCCGGCTT..CT..T..GCTTACTCTGAGCTTATAC..AGCC..	T..G..GTAAAC..C..CAAGTAAG..G..G..TC..CA..CTGTC..T..G..GG..GGAG..	169	
SYK.CE.X.KES1	G..ACAAAGGACTG..ATCACCCTAGCTCTACAAATTCTCGGTIA..CTA..T..GCTTACTCTGAGCT..G..G..	T..G..G..TAAAC..C..CAAGTAAG..G..G..TC..CA..CTGTC..T..G..GG..GGAG..	200	
GRX.CE.X.X.173	G..GTCGGGGTT..GGCGCCGGCTCTGGAGCTCTCGT..CTTG..CT..TGCTTGAAGCT..G..G..	C..T..G..G..TAAAC..C..CAAGTAAG..G..G..TC..CA..CTGTC..T..G..GG..GGAG..	581	
SAB.SN.SABIC	GGGAC..TGGCCATTGCGAGTAGAGACTCG..CTTG..CT..GCTT..TTATGAGCG..ATTGGAGCTCAA..CTCTAT..	C..T..C..A..G..T..TACAG..AA..G..G..G..TC..CA..CTGTC..T..G..GG..GGAG..	622	
TAN.UG.X.TAN1	GGGAC..TGGCCATTGCGAGTAGAGACTCG..CTTG..CT..GCTT..TTATGAGCG..ATTGGAGCTCAA..CTCTAT..	C..T..C..A..G..T..TACAG..AA..G..G..G..TC..CA..CTGTC..T..G..GG..GGAG..	622	
VER.DE.X.AGM3	GGGAC..TGGCCATTGCGAGTAGAGACTCG..CTTG..CT..GCTT..TTATGAGCG..ATTGGAGCTCAA..CTCTAT..	C..T..C..A..G..T..TACAG..AA..G..G..G..TC..CA..CTGTC..T..G..GG..GGAG..	622	
VER.KE.X.9063	GGGAC..TGGCCATTGCGAGTAGAGACTCG..CTTG..CT..GCTT..TTATGAGCG..ATTGGAGCTCAA..CTCTAT..	C..T..C..A..G..T..TACAG..AA..G..G..G..TC..CA..CTGTC..T..G..GG..GGAG..	663	
VER.KE.X.AGM155	GGGAC..TGGCCATTGCGAGTAGAGACTCG..CTTG..CT..GCTT..TTATGAGCG..ATTGGAGCTCAA..CTCTAT..	C..T..C..A..G..T..TACAG..AA..G..G..G..TC..CA..CTGTC..T..G..GG..GGAG..	666	
VER.KE.X.TY01 patent	AAGGGCTTGGGGACTC.....CAGTCCCTCGCGCTAAGGGTAGATAGGTGCTTGCAT..T.....AT..AAGAG..	T..GA..TTTGA..GC..TCA..AG..G..TT..G..AGTAC..AGTTTAC..TCCGCTTCTC..	214	
COL.CM.X.CGU1				

PLV Complete Genomes

## Alignments

Extensive secondary structure		5' LTR U5 end		Lys tRNA primer binding site	
H1B, FR. 83, HXB2					
H1A, UG. 85, U455					
H1C, ET. 86, ETH220					
H1D, CD. 84, 84085					
H1F, BE. 93, T659					
H1G, SE. 93, SE6185					
H1H, CF. 90, 056					
H1J, SE. 93, SE7887					
H1K, CM. 96, MP535					
0. BE. 1987, ANT70					
0. CM. - BCF06					
0. CM. 1991, MVP5180					
0. CM. 1996, 96CM102					
0. CM. 1998, 98CMABB141					
0. CM. 1998, 98CMABB197					
0. CM. 1998, 98CMU2901					
0. CM. 1998, 98CMU5337					
0. CM. 1999, 98CMU4122					
0. FR. 1992, YAU					
0. US. 1999, 99USTWLA					
0. US. - I. 24788					
N. CM. 1997, YBF106					
N. CM. 2006, 06CM-U14842					
N. CM. 2002, D100131					
N. CM. 2002, 02CM-S3Gddd					
N. CM. 2004, 04CM-1015-04					
N. CM. 2004, 04CM-1131-03					
N. CM. 2006, 06CM-U14296					
H1N, CM. 95, YBF39	A. - - - C.	- A. . C- AGAC. T - A - A -			- T -
H1P, FR. 88, RBF168	A. - - - GT	- G- AC - CTAG- C - A -			- G -
H1P, FR. 88, 4788	A. - - - T	- G- AC - - TAG- C - A - A -			- T -
CPZ, CD. 90, AN	T. - - - T.	- TAA. AA - TAGTC. CAG -			- T -
CPZ, CM. 01, SIVcpzCAM13	T. - - - T.	- TA. . A - GTAGTC. TGTGC. GCC -			- T -
CPZ, CM. 05, SIVcpzM866	T. - - - T.	- A. . A - C - TATTGA. AGA -			- T -
CPZ, CM. 05, SIVcpzM145	A. - - - T.	- T. A. A - CTA. TGAAGTA -			- T -
CPZ, CM. 05, SIVcpzEK505	A. - - - T.	- A. . . - GT - GTCTGGG. G -			- T -
CPZ, CM. 05, SIVcpzLB7	T. - - - T.	- TAT. AAGT - - TGTCGG -			- T -
CPZ, CM. - , SIVcpzM897	T. - - - T.	- A. A. AA - TAGTA. GT -			- T -
CPZ, CM. - , SIVcpzDP943	A. - - - T.	- A. . CA - T - AT. AA - A -			- T -
CPZ, CM. 98, CAMS	C. - - - T.	- T. . . - A - A - T - TA - CA -	GTG.	AGG.	- T -
CPZ, GA. 88, GAB1					
CPZ, GA. 88, GAB2					
CPZ, US. 85, CPZUS					
CPZ, US. 2001, CPZ12	- TT - GCCCCTGGGG	- A. . . C - CT - A. AA - A -	GTTG.		- T -
CPZ, TZ. 2002, TAN3. 1	- T - GCCCCTGGGG	- TTTG. AGT - TAAATA -		- C -	- T -
GOR, CM. 2007, STVgor2139_287	A. - - - T.	- GTAA. A - CTGA. CAGA -			- T -
GOR, CM. 2007, STVgorCP2135con	A. - - - T.	- GTAA. AG - CTGA. CAG -			- T -
GOR, CM. 2004, 01STVgorCP5684con	A. - - - GT	- GTAA. AG - CTGA. AGA -			- T -
RCM, CM. STVrcm-02CM8081					
RCM, CM. STVraq1-00CM312					
RCM, GA. x, GAB1					
RCM, NG. x, NG411					
H2A, DE. x, BEN	- GTCA. - TCGGTGTTCATCTGAGT-AC. AAG. ACCCTGGT. C -	- TAGGACCCCTTCTGCCTTTGGGA. ATCCAAGGCAGG -	- C -	- G. T -	- T -
H2B, CI. x, EHO	- GTCA. - TCGGTGTCC-CTAG. . . AA. ACCCTGGT. C -	- TAGGACCCCTTCTGCCTTTGGGA. ATCCAAGGCAGG -	- C -	- A. T -	- T -
H2G, CI. 92, ABT96	- GTCA. - CTGGGTGTT-CGTAGC. . . AAG. ACCCTGGT. C -	- TAGGACCCCTTCTGCCTTTGGGA. AACCAAGGGGG -	- C -	- A. T -	- T -
H2J, FR. 96, 12034	- GTCA. - TCGGTGTTC-C-TTAT. . . A. ACCCTGGTAC. -	- TAGGACCCCTTCTGCCTTTGGGA. AACCAAGGGGG -	- C -	- G. T -	- T -
SMM, SL. 92, SL292B	- GTCA. - CTGGGTGTCGGGATAA. . . GAG. . . CCGTAC -	- GAAAGGGCTTCTGAGGCTTCTACTCTGGGGCAACTCTGAGT -	- A -	- G. T -	- T -
5' LTR U5 end		Lys tRNA primer binding site		5' LTR U5 end	
MAC, US. x, 239	- GTCAA. - CTCGGTACTCA - AATAAG. . . AAG. ACCCTGGT. C -	- TAGGACCCCTTCTGCCTTTGGGA. AACCGAAGGAGG -	- C -	- A. T -	- T -
STM, US. x, STM	- GTCAA. - CTCGGTACTC. . . AAG. ACCCTGGT. C -	- TAGGACCCCTTCTGCCTTTGGGA. TACTGAGGAGA -	- C -	- A. T -	- T -
MNE, US. x, MNE027	- GTCAA. - CTCGGTACTC. . . AATAAT. - AG. AAG. ACCCTGGT. C -	- TAGGACCCCTTCTGCCTTTGGGA. AACCGAAGGAGG -	- C -	- A. T -	- T -
DEB, CM. STVdeb64CMPF3061	TGGGGGCCCT. . .	. . . GAACGGCTTGGGTGATCTGAAGAGAACAGA - G. CA - C -			
DEB, CM. 99, CMS5		. . . GTCGGAGCTCAAGCGGCTAGCTCTGGGGAG. G. AAC -			
DEN, CD. x, CD1		. . . AGGAGGTCTGGTTGTGACCTTACGCAGGGTGA -	- C - C - C -		- T -
LST, CD. 88, 447					
LST, CD. 88, 485					
LST, CD. 88, 524					
LST, KE. x, lhot	- C. CTG. - T - C - G - GATCTCT - ACT -	- GAGA - GGAG. C. T -			
SUN, GA. 98, 14	T. . . A. ACCCTGGTTC -	. . . AC - GCTC. T - ACTA -	- GATCCGGG. C. GGG - TC -		
MND-1, GA. x, MNDBG1		- GAGCAATTACTGGGCCCTA. GTGATCCGGGGCTG. C. GGC -			
OLC, CI. 97, 97CI12			- A -		
WRC, CI. 97, 97CI14	A. - - - T.	- AACCTGT - TGTCTCATTTAGAGAACAGAACCT -	- CCCTAGAACCTTTAG -		
WRC, CI. 98, 98CI14	CT. GAG - T. G - TCTTCAAGAGCTGAAGA. CCC -	. . . GAACGGCTTGGGTGATCTGAAGAGAACAGA - G. CA - C -			
WRC, CM. 05, Pht. 05GM_X02	CT - GAGCT - GGACTTCAAGAGAGCTGAAGA. CCC -	. . . GTCGGAGCTCAAGCGGCTAGCTCTGGGGAG. G. AAC -			
MND-2, CM. 98, CM16	. . . AG - AACCTCT. GTTTA. T - G. AGA -	. . . CCGTACAGTC - GT - GCAGAGATTTGATATCTAGTGGC. AGTAGAGAAA -	- C - C -		
MND-2, GA. x, M14	. . . AG - AACCTCT. GTTTA. T - G. AGA -	. . . CCGTACAGTC - GT - GCAGAGATTTGATATCTAGTGGC. AGTAGAGAAA -	- C -		
MND-2, x, x, 5440					
DRL, x, x, FAO					
MON, CM. 99, L1	. . . GTTT-A - GAGACTTG - GAGTCG -	. . . CA - CTGTG. CG - ATCAGGAGGGCTTGGACGGGGAG. G. G - C - TCTTCA. G -			
GSN, CM. 99, CN166					
GSN, CM. 99, CN71					
TAL, CM. 00, 266					
TAL, CM. 01, 8093	- CGC - CTC - G -	. . . GTGAGGAGCTTGGGGTGAAGA - TTTA. C - ACCAGC -			
MUS, 1, CM. 01, 1085	. . . TTTG. - AC - AAGG - AGT. TG. C - CCTATT. CAT -	. . . CACACTGAGAGCTTACCTCAAGCTGGTGAGTCGG -	- CAC. C -		
MUS, 1, CM. 01, CM1239	. . . G. C - CCTGT. TAT -	. . . CACACTGAGAGCTTACCTCAAGCTGGTGAGTCGG -	- CAC. C -		
MUS, 2, CM. 01, CM1246	AGTAGAC - T - CG. C - CACAG - CG -	. . . ACCCTGGGG -			
MUS, 2, CM. 01, CM2500	CTGAAAGT -	. . . ACCCTGGGG -	- GGG - T -		
SYK, KE. x, KE51	. . . G - AC -	. . . GATCCAGGGCT - C - AC - CC -			
SYK, KE. x, SYK173	TG. - A. - G - G - GC -	. . . G - G - C - CTT -			
GRV, ET. x, GRI_677	CGAG - CTCTAG - GGT - ACCT - TCTTACTG -	. . . GGTT. - CTCTG - TACCCAGGTTGGG. G - ACTC -			
SAB, SN. x, SAB1C	CT -	. . . GTTACTAAAGGA. TCCCTGATAGAAA -	- CT -		
TAN, UG. x, TAN1	. . . GGGAAACCTTC. GTT. CTGG -	. . . GTTACTAAAGGA. TCCCTGATAGAAA -	- CT -		
VER, DE. x, AGM3	A - GGG. TAA. - TCTCT - A - TG -	. . . GTTACTAAAGGA. TCCCTGATAGAAA -	- CT -		
VER, KE. x, 9063	AG - AGG - A - C - GTTCTT - A - TG -	. . . GTTACTAAAGGA. TCCCTGATAGAAA -	- CT -		
VER, KE. x, AGM155	TGAA. G - AG - AGTCTT - A - TG -	. . . GTTACTAAAGGA. TCCCTGATAGAAA -	- CT -		
VER, KE. x, TY01, patent	TGAA. G - A - T - TCTCT - A - TG -	. . . GTTACTAAAGGA. TCCCTGATAGAAA -	- CT -		
COL, CM. x, CGU1	GCCCT. . . C. . . AGAGGGGGCCCTTGTG -	. . . TCCGGAGAAGG -	- GGC - T -		

H1A1	FR	83	HBX2		125	
H1C	ET	86	ETH220		36	
H1D	CD	84	84ZR2085		171	
H1F1	BE	93	V1850		8	
H1G	SE	93	S6165		57	
H1H	CF	90	.056		4	
H1J	SE	93	S7887		0	
H1K	CM	96	MP535		0	
O	BE	1987	ANT70		688	
O	CM	-	BCFO75		683	
O	CM	1992	98CM102		659	
O	CM	1998	98CMAB141		103	
O	CM	1998	98CMAB197		57	
O	CM	1998	98CMU2901		108	
O	CM	1998	98CMU5337		108	
O	CM	1999	99CMU4122		110	
O	FR	1992	VAU		197	
O	US	1999	99USTWLA		93	
O	US	-	I-2478B		688	
N	CM	1997	YFB106		207	
N	CM	2006	06CM_U14842		119	
N	CM	2002	DJ00131		119	
N	CM	2002	02CM-SJGddd		118	
N	CM	2002	02CM-1015-04		118	
N	CM	2004	04CM-1131-03		119	
N	CM	2006	06CM_U14296		119	
H1B	CM	95	YFB30		215	
H1B	FR	06	RBF168		127	
H1B	CM	06	U14788		127	
CPZ	CD	99	ANT		9	
CPZ	CM	01	SIVcpzCAM13		198	
CPZ	CM	05	SIVcpzM866		204	
CPZ	CM	05	SIVcpzM145		201	
CPZ	CM	05	SIVcpZEK505		198	
CPZ	CM	05	SIVcpZLB7		202	
CPZ	CM	-	SIVcpzMB897		201	
CPZ	CM	-	SIVcpzDP943		199	
CPZ	GA	88	CANE		331	
CPZ	GA	88	GAB1		331	
CPZ	GA	88	GAB2		6	
CPZ	US	85	CPZUS		4	
CPZ	TZ	2001	TAN2		680	
CPZ	TZ	2002	TAN3_1		205	
GOR	CM	2007	SIVgor+2139_287		199	
GOR	CM	2007	SIVgor+CP2135con		198	
GOR	CM	2004	SIVgor+CP684con		118	
RCM	CM	SIVrcm-02CM8081		0		
RCM	CM	SIVvag1-00CM312		0		
RCM	GA	X	GAB1		29	
RCM	NG	X	NG411		29	
H2A	DE	X	BEN1		526	
H2B	DE	X	FHO		895	
H2G	CT	92	1ABT96		389	
H2U	FR	96	12034		389	
SMM	SL	92	SL92B		326	
MAC	US	X	239		547	
STM	US	X	STM		547	
MNE	US	X	MNE027		526	
DEB	CM	SIVdeb004CMFP3061		526		
DEB	CM	99	CM5		526	
DEB	CD	99	CD1		526	
LST	CD	88	447		526	
LST	CD	88	485		526	
LST	CD	88	524		526	
LST	KE	X	lho7		526	
SUN	GA	98	L14		526	
MND	1	GA	X	MNDGB1		526
OLC	CI	97	97CI12		295	
WRC	CI	97	97CI14		584	
WRC	CI	98	98CI04		585	
WRC	GM	05	Pbt_05GM_X02		0	
MND	2	CM	98	CM16		554
MND	2	GA	X	M14		488
MND	2	X	X	5440		125
DPL	DE	X	PAU		125	
MON	CM	99	1		125	
GSN	CM	99	CN166		125	
GSN	CM	99	CN71		125	
TAL	CM	08	266		266	
TAL	CM	01	8023		275	
MUS	1	CM	01	1085		275
MUS	1	CM	01	CM1239		273
MUS	2	CM	01	CM246		272
MUS	2	CM	01	CM2500		340
SYK	KE	X	KE51		304	
SYK	KE	X	SYK173		624	
GRV	EL	X	GRV67		714	
SIB	DE	X	SIB1C		819	
TER	UC	X	TAN1		528	
VER	DE	X	AGM3		483	
VER	KE	X	9963		764	
VER	KE	X	AGM155		750	
VER	KE	X	TY01_patent		409	
COL	CM	X	CGU1		575	
					575	
					409	

PLV Complete Genomes

## Alignments



PLV Complete Genomes





H1B.FR.83.HXB2	ATCAGAAGGAGGCCACCCACAAGATTAAACACCATGCTAACACAGTGGGGGACATCAAGCAGCCATGCAAATGTTAAAGAGACCATAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGATAGGTGATCGTCATCGTGAT...GCAGGGCCTATTGCCCCAGGGCAGATGAGAGAAC	1480
Gag	S E G A T P Q D L N T M L N T V G G H Q A A M Q O M L K E T I N E E A A E W D R V H P V H . A G P I A P Q M R E	935
H1A.UG.85.U455	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	854
H1C.ET.86.ETH220	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	854
HD.CD.84.84ZR085	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	854
H1F1.BE.93.VI850	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	823
H1G.SE.93.66165	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	883
H1H.SE.93.9051	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	827
H1J.SE.93.SE7887	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	803
H1K.CM.96.MP535	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	679
O.BE.1987.ANT70	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	1526
O.CM.1991.BCF06	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	1524
O.CM.1991.MPV5180	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	1500
O.CM.1996.96CM102	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	955
O.CM.1998.98CMABB141	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	956
O.CM.1998.98CMABB197	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	905
O.CM.1998.98CMU2901	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	958
O.CM.1998.98CMU5337	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	958
O.CM.1998.98CMU4122	-G-----T-TG----G-TGT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	958
O.FR.1992.VAU	-G-----T-TT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	1034
O.US.1999.99USTWLA	-G-----T-TT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	945
O.US.1.24788	-G-----T-TT-----C-G-----T-----T-----G-----C-G-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----C-G-----A-----T-----G-----	1527
N.CM.1997.YBF106	-G-----A-G-----CTC-----C-T-----GT-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----G-----C-G-----G-----A-----T-----G-----	1045
N.CM.2006.06CM-U14842	-G-----A-G-----CTG-----C-T-----GT-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----G-----C-G-----G-----A-----T-----G-----	957
N.CM.2002.DJ00131	-G-----A-G-----CAGT-----C-T-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----G-----C-G-----G-----A-----T-----G-----	965
N.CM.2002.02CM-SJgdd	-G-----A-A-----CTG-----C-T-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----G-----C-G-----G-----A-----T-----G-----	958
N.CM.2004.04CM-1015-04	-G-----A-A-----CTC-----C-T-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----G-----C-G-----G-----A-----T-----G-----	957
N.CM.2004.04CM-1131-03	-G-----A-A-----CTC-----C-T-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----G-----C-G-----G-----A-----T-----G-----	956
N.CM.2006.06CM-U14296	-G-----A-G-----CGG-----Y-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----G-----C-G-----G-----A-----T-----G-----	1044
H1N.CM.95.YBF30	-G-----A-G-----CTC-----C-T-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----G-----C-G-----G-----A-----T-----G-----	1044
H1P.FR.06.RBF168	-G-----G-----T-----L-----C-----A-----T-----I-----C-----T-----G-----A-----C-----G-----G-----A-----T-----G-----	938
H1P.CM.1.04788	-G-----G-----T-----T-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----	938
CPZ.CM.99.ANT	-G-----G-----T-----T-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----	892
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-G-----G-----T-----T-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----	1057
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-G-----TCTA-----TTG-----G-----T-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----G-----A-----T-----G-----	1023
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-G-----G-----T-----CC-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----	1019
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-G-----G-----G-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----	1028
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-G-----G-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----	1026
CPZ.CM.-SIVcpzMB897	-G-----T-----G-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----T-----G-----	1025
CPZ.CM.-SIVcpzDP943	-G-----G-----G-----C-----G-----C-----T-----T-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----	1039
CPZ.CM.98.CAM5	-G-----G-----T-----T-----C-----G-----C-----T-----T-----G-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	1173
CPZ.GA.88.GAB1	-G-----G-----TTA-----T-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----	1541
CPZ.GA.88.GAB2	-G-----A-----A-----C-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	858
CPZ.US.85.CPDS	-G-----G-----G-----C-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	1528
CPZ.TZ.2001.TAN2	-T-----A-----T-----TT-----T-----G-----T-----C-----G-----TA-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	1108
CPZ.TZ.2002.TAN3	-T-----A-----T-----TT-----T-----G-----T-----C-----G-----CA-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	1014
GOR.CM.2007.SIVgor2139	-T-----A-----T-----TT-----T-----G-----T-----C-----G-----CA-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	287
GOR.CM.2007.SIVgorCP2135con	-T-----A-----T-----TT-----T-----G-----T-----C-----G-----CA-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	287
RCM.CM.SIVrcm-02CM84con	-T-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	933
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081	-T-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	694
RCM.GA.x.GB1	-T-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	694
RCM.NG.x.NG411	-T-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	905
H2A.DE.x.BEN	-T-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	1796
H2B.CI.x.EHO	-T-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	1758
H2G.CI.92.ABT96	-T-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	1159
H2U.FR.96.12634	-T-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	1275
SMM.SL.92.SL92B	-T-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----	1186
MAC.US.x.239	-G-----T-----G-----T-----C-----T-----A-----T-----T-----G-----A-----C-----G-----T-----G-----G-----	1743
Gag	S E G C T P Y D I N O M L N V G D H Q A A M Q O I R D I I N E E A A D W L D L O H P O P Q Q G Q L R E	1405
STM.US.x.XTSM	-G-----CTGT-----T-----C-----CA-----TCAC-----T-----T-----G-----A-----T-----G-----C-----T-----G-----G-----	1223
MNE.US.x.MNE027	-G-----CTG-----T-----C-----CA-----TCAG-----T-----T-----G-----A-----T-----G-----C-----G-----A-----T-----G-----	1404
DEB.CM.SIVdeb04CMFP3061	-G-----G-----CTGT-----T-----C-----CA-----TGGGT-----A-----C-----TG-----CA-----A-----TTTA-----G-----G-----	1235
DEB.CM.99.CM5	-G-----G-----CTGT-----T-----C-----CA-----TGGGT-----A-----C-----TG-----CA-----A-----TTTA-----G-----G-----	1235
DEN.DC.x.CD1	-G-----CG-----CTGT-----TA-----TT-----A-----T-----CAAC-----C-----T-----G-----A-----T-----A-----C-----T-----	1250
LST.CD.88.447	-G-----CA-----AA-----TTTG-----G-----T-----C-----TGT-----T-----G-----CA-----A-----AC-----G-----AA-----	652
LST.CD.88.485	-G-----CA-----AA-----TTTG-----G-----T-----C-----TGT-----T-----G-----CA-----A-----AC-----G-----AA-----	646
LST.CD.88.524	-G-----CA-----AA-----TTTG-----G-----T-----C-----TGT-----T-----G-----CA-----A-----AT-----G-----AGCG-----	176
LST.KC.117	-G-----ATGAC-----A-----T-----G-----T-----C-----CA-----C-----TGT-----T-----G-----CA-----A-----AG-----	714
SUN.GA.98.L14	-G-----A-----T-----AGT-----T-----C-----TGT-----T-----G-----T-----CA-----A-----AT-----G-----AGT-----	1107
MND.GA.x.MNDGB1	-G-----GA-----A-----T-----AGT-----T-----C-----TGT-----T-----G-----T-----CA-----A-----AT-----G-----AGT-----	1348
OLC.CI.97.97C12	-T-----G-----TTGCTG-----T-----G-----GA-----C-----T-----C-----TGT-----T-----G-----T-----ACT-----G-----	1684
WRC.CI.97.97C114	-T-----GA-----C-----ATTG-----T-----C-----T-----G-----T-----AT-----A-----T-----G-----T-----AA-----G-----	1684
WRC.CI.98.98C104	-T-----GA-----T-----TTGG-----T-----C-----TA-----T-----G-----T-----AT-----A-----T-----G-----AA-----	646
WRC.GM.05.Pbt.05GM_X02	-T-----GA-----T-----ATTGA-----T-----C-----T-----G-----T-----AT-----A-----T-----G-----T-----AA-----G-----	1433
MND.2.CM.98.CM16	-T-----G-----GT-----CT-----C-----C-----TGT-----T-----G-----T-----TG-----TA-----T-----G-----G-----	1357
MND.2.GA.x.M14	-T-----G-----TG-----CT-----C-----C-----TGT-----T-----G-----T-----TG-----TA-----T-----G-----G-----	990
MND.2.x.x.5440	-T-----G-----TG-----CT-----C-----C-----TGT-----T-----G-----T-----TG-----TA-----T-----G-----G-----	987
DRL.x.x.FAO	-T-----G-----TG-----T-----AGT-----C-----CA-----C-----TGT-----T-----G-----T-----AA-----G-----	1144
MON.CM.99.L1	-T-----G-----CATG-----TT-----C-----CA-----TCAG-----C-----TGT-----T-----G-----G-----AC-----C-----	1157
GSN.CM.99.CN166	-T-----G-----CTGT-----TA-----CT-----A-----CAA-----C-----TGT-----TA-----A-----T-----G-----G-----CA-----	1163
GSN.CM.99.CN71	-T-----G-----G-----T-----I-----A-----G-----LAA-----C-----TGT-----T-----G-----G-----AA-----G-----	1365
TAL.CM.01.2602	-T-----G-----G-----T-----I-----A-----G-----LAA-----C-----TGT-----T-----G-----G-----AA-----G-----	1363
TAL.CM.01.8023	-T-----G-----G-----T-----I-----A-----G-----LAA-----C-----TGT-----T-----G-----G-----AA-----G-----	1128
MUS.1.CM.01.1085	-G-----G-----G-----A-----TA-----T-----CAAC-----C-----TG-----CA-----A-----A-----G-----G-----AA-----	1130
MUS.1.CM.01.CM1239	-G-----G-----G-----A-----TA-----T-----CA-----C-----TGT-----T-----G-----G-----AA-----G-----AAAC-----	1211
MUS.2.CM.01.CM1246	-G-----G-----G-----A-----TA-----T-----CA-----C-----TGT-----T-----G-----G-----AA-----G-----AACT-----	1173
MUS.2.CM.01.CM2500	-G-----G-----G-----A-----TA-----T-----CA-----C-----TGT-----T-----G-----G-----AA-----G-----AGACG-----	1188
SYK.KE.x.KE51	-A-----TTTT-----TA-----TT-----C-----C-----TGT-----T-----G-----T-----CA-----T-----A-----T-----G-----	1560
SYK.KE.x.SYK173	-A-----TTTT-----TT-----C-----C-----TGT-----T-----G-----T-----CA-----T-----A-----T-----G-----	1560
GRV.ET.x.GRI.677	-C-----G-----TGTCT-----T-----CT-----T-----G-----TCAG-----C-----TGT-----A-----G-----G-----G-----	1593
SAB.SN.x.SAB1C	-G-----T-----TT-----T-----A-----T-----CCAA-----C-----TG-----A-----G-----G-----G-----AA-----G-----	1746
TAN.UG.x.TAN1	-C-----G-----TGTAA-----T-----CA-----C-----TGT-----A-----G-----G-----G-----AA-----G-----CA-----	1616
VER.DE.x.AGM3	-C-----G-----TGT-----T-----CA-----C-----TGT-----A-----G-----G-----G-----AA-----G-----CA-----	1157
VER.KE.x.9063	-C-----G-----TGT-----T-----CA-----C-----TGT-----A-----G-----G-----G-----AA-----G-----CA-----	1656
VER.KE.x.AGM155	-C-----G-----TGT-----T-----CA-----C-----TGT-----A-----G-----G-----G-----AA-----G-----CA-----	1653
VER.KE.x.TY01 patent	-C-----G-----TGT-----T-----CA-----C-----TGT-----A-----G-----G-----G-----AA-----G-----CA-----	1285
COL.CM.x.CGU1	T-----TAGC-----G-----A-----TAG-----T-----A-----G-----TTG-----C-----T-----TTT-----ATACT-----	

PLV Complete Genomes

## Alignments



PLV Complete Genomes

## Alignments

H1B, FR .83 .HXB2	AAGATTGTTAACTGGTTCAATTGTCGCAAAGAACGGCACACAGCGAGAAATTGCGAGGCCCTAGGAAAAG...	2022
Gag	I V K C F N G C R E G H T A R N C R A P R K K	
H1A, UG .85 .U445	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1471
H1C, ET .86 .ETH220	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1452
H1D, CD .84 .84ZR085	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1359
H1F1, BE .93 .V1850	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1428
H1G, SE .93 .SE6165	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1372
H1H, CF .90 .056	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1342
H1J, SE .93 .SE7887	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1212
HIK, CM .96 .MP535	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2086
O .BE .198 .ANT70	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2088
O .CM .97 .BCFOB	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2088
O .CM .1991 .WP5189	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2040
O .CM .1996 .96CM192	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1515
O .CM .1998 .98CMABB141	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1515
O .CM .1998 .98CMABB197	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1465
O .CM .1998 .98CMU2961	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1518
O .CM .1998 .98CMU5337	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1518
O .CM .1999 .99CMU4122	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1594
O .FR .1992 .VAU	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1504
O .US .1999 .99USTWLA	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1504
O .US .- I .24788	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1504
N .CM .1997 .YBF106	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1499
N .CM .2006 .06CM-U14842	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1499
N .CM .2002 .DJ00131	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1501
N .CM .2004 .04CM-S3ddd	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1500
N .CM .2004 .04CM-1015 .04	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1500
N .CM .2004 .04CM-131 .03	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1499
N .CM .2006 .06CM-U14296	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1498
H1N, CM .95 .YBF30	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1589
H1P, FR .06 .RBF168	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1589
H1P, CM .06 .U14788	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1589
CPZ, CD .90 .ANT	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1492
CPZ, CM .01 .SIVcpzCAM13	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1452
CPZ, CM .05 .SIVcpzM66	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1605
CPZ, CM .05 .SIVcpMT145	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1561
CPZ, CM .05 .SIVcpEK505	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1570
CPZ, CM .05 .SIVcpLB7	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1568
CPZ, CM .- SIVcpZMB897	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1561
CPZ, CM .08 .CAMS	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1715
CPZ, GA .88 .GA81	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2089
CPZ, GA .88 .GA82	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1400
CPZ, US .85 .CPZUS	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1665
CPZ, TZ .2001 .TAN2	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1665
CPZ, TZ .2002 .TAN3 .1	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1579
GOR, CM .2007 .SIVgo-B2139 .287	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1499
GOR, CM .2007 .SIVgo-CP2135con	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1257
GOR, CM .2004 .SIVgo-CP684con	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1257
RCM, CM .SIVrcm-02CMW0801	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1462
RCM, CM .SIVAg1-00CM312	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1462
RCM, GA .x .GA81	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1462
RCM, NG .x .NG411	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1462
H2A, DE .x .X BEN	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1462
H2B, CT .x .X EHR	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1462
H2D, CT .92 .ABT96	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1710
H2D, FR .96 .12034	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1823
SMM, SL .92 .SL92B	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1740
MAC, US .x .239		
Gag	R K P I K C W N C G K E G H S A R Q C R A P R R Q	
STM, US .x .STM	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2288
MNE, US .x .MNE027	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1765
DEB, CM .SIVdeb04CMF3061	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1765
DEB, CM .99 .CMS	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1973
DEB, CD .99 .CD5	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1804
LST, CD .88 .447	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1236
LST, CD .88 .485	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1236
LST, CD .88 .524	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1230
LST, KE .x .Lh07	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2313
SUN, GA .88 .L14	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1670
MND .1 .GA .x .MNDGB1	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1872
OLC, CI .97 .97CI12	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2220
WRC, CI .97 .97CI14	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2238
WRC, CI .98 .98CI04	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1992
WRC, GM .05 .Pbt .05GM .X02	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1182
MND .2 .CM .98 .CM16	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1914
MND .2 .GA .x .M14	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1545
MND .2 .x .x .5440	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1545
DRL .x .x .x .AO	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1545
MND .3 .CM .99 .1	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1689
GSN, CM .99 .CN166	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1705
GSN, CM .99 .CN71	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1708
TAL .CM .00 .266	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1952
TAL .CM .01 .8023	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1447
MUS .1 .CM .01 .1085	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1707
MUS .1 .CM .01 .CM1239	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1691
MUS .2 .CM .01 .CM1246	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1742
MUS .2 .CM .01 .CM2500	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1093
SYK .KE .x .KE51	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2129
SYK .KE .x .SYK173	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2122
GRV .ET .x .GRI .677	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1664
SAB .SN .x .SAB1C	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1704
TAN .UG .x .TAN1	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1704
VIR .KE .x .VIR .AGM3	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1892
VER .KE .x .VER .9663	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2044
VER .KE .x .AGM155	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1817
VER .KE .x .TY01 .patent	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	2192
COL .CM .x .CGU1	-A-G-A-A-C-T-A-C-T-A-T-G-C-A-C-T-A-T-T-A-T-	1892

PLV Complete Genomes

## Alignments

H1B.FR.83.HXB2	GCTGTTGGAAATGTGGAAGGAGCACCAATGAAAGATTGACT	GAGAGACAGGCTAATT	TITAGGGAAAGTCGGCC	CTACAGGGAGGC	AG 2125
Gag P01	- G C W K C G K E G H Q M K D C T -	E R Q A N F # L G K I W P S -	F # F P E G K D L P S -	L O G K A P -	R
H1A1.UG.85.U455	C - G - A -	C - C -	- A -	A - G -	15741
H1C.ET.86.ETH220	-	-	GAC-T-	A -	1496
H1D.CD.84.84ZR085	GA -	C - C -	- A -	A - T -	6451
H1F1.BE.93.VT850	T -	C - C - G -	- A -	A - T -	1462
H1G.SE.93.SE6165	GA -	T - G -	C - C - A -	A - T -	1531
H1H.CF.90.056	-	C - C -	-	A - T -	1475
H1J.SE.93.SE7887	-	-	-	AG - A - G -	1445
H1K.CM.96.MP535	G -	T - G -	C - C -	C - G -	1324
O.BE.1987.ANT70	T - C -	C - T -	GAAAT -	A -	1324
O.CM. - BCF06	-	C - T -	C - AAAAT -	C - ATA -	2192
O.CM.1993.MVP5189	T - C -	C - T -	C - AAAAT -	A -	2190
O.CM.1996.90CMAB102	T - C -	C - T -	K - GAAAAT -	A - TA -	2166
O.CM.1998.98CMAB141	A - C -	GC -	C - AAAAT -	C - ATA -	1020
O.CM.1998.98CMAB107	T - C -	C - T -	G - CAAAAT -	GA - A -	571
O.CM.1998.98CMU2901	T - C -	C - T -	G - CAAAAT -	GA - A -	624
O.CM.1998.98CMU5337	T - C -	C - A - C -	G - GAAAAT -	CA - A -	624
O.CM.1999.99CMU4122	T - C -	C - T -	G - CAAAAT -	GA - A -	622
O.FR.1992.VAU	T - C -	C - T - T -	C - AAAAT -	AG - A - A -	700
O.US.1999.99USTWLA	T - C -	C - T -	G - CGAAT -	AA - ATAT -	1611
O.US. - I.24788	T - C -	C - T - T -	G - CGAAT -	GA - A -	2193
N.CM.1997.YBF106	G -	GC - A -	T -	GAG - A - M -	1696
N.CM.2006.06CM-U14842	G -	GC - A -	T -	GAA - GA -	1606
N.CM.2002.DJ000131	G -	GC - A -	T -	A - GG - T - C -	1616
N.CM.2002.02CM-SJGddd	G -	GC - A -	T -	C - GG - T - C -	1609
N.CM.2004.04CM-1015-04	G -	GC - A -	T -	T - A - G - A -	609
N.CM.2004.04CM-1131-03	G -	GC - A -	T -	A - GG - T - C -	608
N.CM.2004.04CM-U14296	G -	GC - A -	T -	G - GG - T - C -	608
H1A.CM.25.VB130	A - C - G -	C - T - T -	C - CAAATCA -	GAA - GA -	698
H1P.FR.06.RB0668	A - C - G -	C - T - T -	C - CAAATCA -	A - G - T -	598
H1P.CM.06.U14788	R - C - G -	C - T - T -	C - CAAATCA -	A - C -	605
CPZ.CD.99.ANT	-	C - G -	- GC - T - A - C -	AATACTAG - A - TA -	567
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-	C - G -	- GC - T - A - C -	- ACCGACC - CA -	1080
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-	G -	- G - T - G - G - A -	T - GT - GGGTCAGAAC -	662
CPZ.CM.05.SIVcpzM145	-	C - G -	- G - T - G - G - A -	CG - GC - G -	1670
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-	C -	- G - T - G - G - C -	AC - AG -	6795
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-	G -	- G - T - G - G - C -	A - AT - C -	1671
CPZ.CM. - .SIVcpzM897	-	G -	- G - T - G - G - C -	GGGG - G -	6717
CPZ.CM. - .SIVcpzDP943	-	G -	- G - T - G - G - C -	G - AG - T -	1667
CPZ.CM.98.CAMS	-	A - C -	- C - A - G - T - G - A -	AT - CA - G - G -	1669
CP2.GA.88.GAB1	-	C - C -	- G - T - A - C -	CG - A - G -	18332
CP2.GA.88.GAB2	-	CG -	- G - T - A - C -	GG - AG - T -	1509
CP2.US.85.CPZUS	-	G - C -	- G - T - A - C -	GG - CG - G -	1509
CP2.TZ.2001.TAN2	-	G - C -	- G - T - A - C -	ACAT - T - CC - ATCGT -	1791
GOR.CM.2007.SIVgor2139.287	-	T - C -	- G - T - A - C -	G - G - GG - GT -	1791
GOR.CM.2007.SIVgorCP135con	-	GG -	- G - T - A - C -	GG - GG - T - A -	1783
GOR.CM.2004.SIVgorCP684con	-	A - C -	- G - T - A - C -	GG - ACC - C -	1655
RCM.CM.SIVcm-02CM8081	-	A - C -	- G - T - A - C -	GG - GGG - AG -	1655
RCM.CM.SIVaq1-00CM312	-	A - C -	- G - T - A - C -	GG - GGG - AG -	1655
RCM.GA.X.GAB1	-	A - C -	- G - T - A - C -	GG - GGG - AG -	1562
RCM.NG.X.NG411	-	A - C -	- G - T - A - C -	GG - GGG - AG -	1562
H2A.DE.X.BEN	-	A - C -	- G - T - A - C -	GG - GGG - AG -	1429
H2B.CI.X.EHO	-	A - C -	- G - T - A - C -	GG - GGG - AG -	1807
H2G.CI.92.ABT96	-	A - C -	- G - T - A - C -	GG - GGG - AG -	1807
H2U.FR.96.12034	-	A - C -	- G - T - A - C -	GG - GGG - AG -	1807
SMM.SL.92.SL92B	-	A - C -	- G - T - A - C -	GG - GGG - AG -	1837

MAC.US.X.239	-A-C-	-ATAG-AC-TGTT-GCCA-A-CC-A.	-C-	GGG	F	CCTTGGTCATGGG	AAG-G-A-	CC 2385
Po	Gag	G C W K C G K M H V M A K C P	D R O A G F# L G R P W S	K K P				
STM, US, X, STM		-C-AC-G-C-T-G-G-GCCA-A-CC-A-	-A-	TGGG			AAAG-A-	CC 2044
MNE, US, X, MNE027		-C-AATG-C-TGTT-GCCA-A-CC-A-	-A-	AGG			AAA-G-A-	CC 1865
DEB, CM, SVDeb04CMFP3061		-A-A-C-TC-CA-C-AC-G-ATGGA-C-A-C-CC-A-	.AAAGCAGCTCC-TC-A-AA-				CTTGG-CATATGGG	CC 2085
DEB, CM, 99, CM5		-A-A-C-TC-T-G-C-AT-GA-C-GGA-	.AAAC-TAAC-AG-C-				AC-TCCCCTGGG	CC 1907
DEN, CD, X, CD1		CAACCAAGGA-C-TT-CT-T-GA-GA-GA-	.AGTAACACTAATGATC-G-				TGCTCTCTGGGG	CC 1931
LST, CD, 88, 447		-A-C-C-T-GCA-G-A-TAGGT-TGTC-	.A-G-A-TA-				-TGGCTTGGGG	CC 1931
LST, CD, 88, 485		-A-C-C-T-GCA-A-TAGGT-TGTC-	.A-G-A-TC-				CT-TGACCTTGAG	CC 1342
LST, CD, 88, 524		-A-C-C-T-GCA-C-TGTC-A-AG-GCC-	.A-G-GA-TG-				CT-TGACCTTGAG	CC 1336
LST, KE, X, lhoty7		-T-C-GTA-AG-T-GTGC-A-G-C-GG-	.AAACCAA-AG-A-TG-				AATG-T-TCC	CC 1336
MND, GA, 98, 107		CCACCCGGCTC-G-C-G-C-T-GCAATG-	.AAACCAA-AG-A-TG-				AT-TGTCCTGGAG	CC 2493
MND, GA, 98, x, MNDGB1	OCL, CI 97, 97C112	-G-C-ACA-C-G-G-ACC-A-T-G-AAGCT-	.AAAGCAGCTCAGG-CAGAG-				GCAA-CTT-AGG-	CC 2493
WRC, CI 97, 97C114		-ACA-C-AC-G-G-ACC-A-T-G-AAGCT-	.AAAGCAGCTCAGG-CAGAG-				CGG-CCTGGGG	CC 2356
WRC, CI, 98, 98C104		CCCTTGGAGAACAGGACAGGGCACCATC-G-GG-	.GTGGGAGGACAAACAAAC-GA-				GCACTTCAACAA-C-	CC 1999
WRC, GM, 05, Pbt 05GM_X02	CAGCAAAGG..	GGACCTTCCAC-G-C-GG-ATCCAA-	.AAATTAAGA-G-TA-				AT-TGGA-GAGGG	CC 2374
MND, 2, CM, 98, X, CM16		-A-C-TC-G-G-TCT-AT-GA-C-CC-A-	.AAAGATA-G-G-AT-				-ATGCCCT-AAACAAATTAC-	CC 2374
MND, 2, CM, 98, X, M14		-A-C-TC-G-G-CAC-TATG-G-A-C-CC-A-	.GAAACAGA-G-TA-				CA-TG-CAAACT-	CC 2087
MND, 2, x, x, 5440		-A-C-TC-G-G-TCT-AT-GA-C-CC-A-	.AGAT-TG-				CA-TG-CAAGCC-	CC 2087
DRL, x, x, FAO		-A-C-TC-G-G-TCT-AT-GA-C-CC-A-	.A-AT-TG-				CA-TG-CAAGCC-	CC 1644
MON, X, 98, L1		-A-C-TC-G-G-TCT-AT-GA-C-CC-A-	.CCA-AGAT-TG-				T-C-CCCTGGGG	CC 1644
GNM, CM, 99, CN166		-A-C-TC-G-G-TCT-AT-GA-C-CC-A-	.CCA-A-AGAT-TG-				CA-TG-CAAGCC-	CC 1644
GNM, CM, 99, CN171		-A-C-TC-G-G-TCT-AT-GA-C-CC-A-	.TCTCTGGC-G-				CA-CG-AAAC-CAGGA	CC 1603
TAL, CM, 00, 266	GTG	CGGCGGAGGCCTC-AT-G-A-C-CC-A-	.AAACAACT-C-GG-TG-				CAAG-A-GGGC-	CC 1807
TAL, CM, 01, 8023	GGG	CTCTGGGGAGA-TG-C-GC-ATG-	.ACAGGACACCACTT-AGG-CT-T-				ACCTTGG-C-G-GGG-	CC 1807
MUS, 1, CM, 01, 1085		-AAG-TT-G-C-G-G-ATG-G-C-GA-	.AAACAACT-C-GG-TG-				ACCTTGG-C-G-GGG-	CC 1807
MUS, 1, CM, 01, CM1239		-AAA-C-TC-G-G-G-G-ATG-G-C-GA-	.GAAACACCA-CC-AGG-CT-				CC-C-A-AG-C-CCC-	CC 1807
MUS, 2, CM, 01, CM1246		-A-A-TT-G-T-G-C-G-GG-	.AAACAACT-C-GG-TG-				AA-GA-C-G-CCC-	CC 1807
MUS, 2, CM, 01, CM2500		-AAA-C-TC-G-G-G-G-ATG-G-C-GA-	.TCTGAAATACCA-G-C-TG-				G-GTC-CTGGCC-	CC 1807
SYK, KE, X, KE51		-AAG-C-TT-C-G-GAAGC-AT-GCA-GC-	.TCTGAAATACCA-G-C-TG-				C-G-AA-G-	CC 1807
SYK, KE, X, SYK173		-AAA-C-TC-G-G-G-G-ATG-G-C-GA-	.TCTGAAATACCA-G-C-TG-				G-GTC-CTGGCC-	CC 1807
GRV, EN, X, GRV67		-AAA-C-TC-G-G-G-G-ATG-G-C-GA-	.TCTGAAATACCA-G-C-TG-				G-GTC-CTGGCC-	CC 1807
SAB, X, X, SAB1C		-AAA-C-TC-G-G-G-G-ATG-G-C-GA-	.TCTGAAATACCA-G-C-TG-				G-GTC-CTGGCC-	CC 1807
TAN, UX, X, TAN1		-AAA-C-TC-G-G-G-G-ATG-G-C-GA-	.TCTGAAATACCA-G-C-TG-				G-GTC-CTGGCC-	CC 1807
VER, DE, X, AGM3		-AAA-C-TC-G-G-G-G-ATG-G-C-GA-	.TCTGAAATACCA-G-C-TG-				G-GTC-CTGGCC-	CC 1807
VER, KE, X, 9663		-AAA-C-TC-G-G-G-G-ATG-G-C-GA-	.TCTGAAATACCA-G-C-TG-				G-GTC-CTGGCC-	CC 1807
VER, KE, X, AGM15		-AAA-C-TC-G-G-G-G-ATG-G-C-GA-	.TCTGAAATACCA-G-C-TG-				G-GTC-CTGGCC-	CC 1807
VER, KE, X, TY01 patent		-AAA-C-TC-G-G-G-G-ATG-G-C-GA-	.TCTGAAATACCA-G-C-TG-				G-GTC-CTGGCC-	CC 1807
COL, CM, CGU1		-ATTG-T-GCA-C-G-GG-	.A-TG-A-TA-				GCA-C-A-GGGGTTGA	CC 1954



PLV Complete Genomes

## Alignments



PLV Complete Genomes

## Alignments

Genomes  
PLV Complete



PLV Complete Genomes



PLV Complete Genomes

## Alignments

FR-BR.83.HXB2	GTACAGCTTATGTCGTCGAGAAAAGACGC	TGGACTGCAATTAGCATACAGAAAGTTAGTGGGGAAATTGAAATTGGCAAGTCAGATTACCCGGGATAAAGGAATTATGTAACCTTGGAAACAAAGCACTAACAGAGTAACCACT	3433	
Pol	-V - P I V L P E K D S .	W T V N D I Q K G L N W A S Q Y P G G I K V R C K L L R G T K A L T E V I P L		
H1A, UG_85, U455	-T - CA - - - -	T - A - A - A - C - - - -	T - C - G - - - -	TA - G - A - C -
HIC-ET, 86, ETH2220	-T - ACA - - - -	T - A - A - A - C - - - -	T - C - G - - - -	G - - - -
HID, CD_84, 84ZR085	-G - CAAT - - - -	A - A - C - A - - - -	C - - - -	G - G - - -
HIF1, BE_93, V1850	-A - CA - - - -	A - A - C - A - - - -	C - C - - -	CA - G - G -
HIG, SE_93, SE6165	-A - A - AAA - - -	A - A - C - A - - - -	T - AAT - - - -	CA - G - T -
HJH, CF_90, 056	-C - A - CAA - - -	T - A - A - C - A - - -	T - A - A - C - -	T - CA - - -
HJK, CM_96, MP535	-G - CAA - - - -	T - A - G - I - - - -	A - A - C - - - -	AA - GG - - -
HOM, 1987, ET170	-T - C - CAA - - -	TA - C - G - I - - - -	A - A - C - A - -	G - GT - - -
O, CM_1991, MP5180	-A - C - CAA - - -	CA - C - G - AGT - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
O, CM_1996, 96CM162	-C - CAA - - - -	T - C - G - - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
O, CM_1998, 98CMAB141	-T - C - CAA - - -	T - G - A - CA - - -	A - T - A - A - -	G - AG - C -
O, CM_1998, 98CMAB197	-C - CAA - - - -	TAGC - G - GTG - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
O, CM_1998, 98CMU2901	-C - CAA - - - -	TA - T - G - GTG - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
O, CM_1998, 98CMU5337	-C - CAA - - - -	TA - C - G - GTG - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
O, CM_1999, 99CMU4122	-C - CAA - - - -	TA - C - G - GTA - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
O, FR_1992, VAU	-C - CAA - - - -	T - C - G - AGT - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
O, US_1999, 99USTWLA	-G - CAA - - - -	YAC - G - AGT - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
O, US_1-1, 24788	-C - CAA - - - -	TA - C - G - AGT -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
N, CM_2001, 06CM_U14842	-C - AG - - - -	G - G - AGT - - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
N, CM_2002, 01031	-A - A - AA - T - A	G - G - AGT - - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
N, CM_2002, 02CM_S3gdd	-C - A - AA - T - A	C - G - GTG - - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
N, CM_2004, 04CM_1015_04	-C - A - AA - T - A	G - T - CA - - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
N, CM_2006, 06CM_U14296	-C - G - A - AA - T - A	G - G - GTG - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
HIN, CM_95, YBf30	-C - G - A - AA - T - A	G - G - GTG - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
HIP, FR_06, RFBL168	-G - A - C - CAAAT - A	G - AGCT - - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
HIP, CM_06, U14788	-G - A - C - CAAAT - A	G - GAT - - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
CPZ, CZD, 90, ANT	-G - A - C - CAAAT - A	G - GAT - - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
CPZ, CM_01, SIVcpzCAM13	-G - A - A - AA - A -	G - GTG - - - -	A - A - C - A - -	G - AG - C -
CPZ, CM_05, SIVcpzM866	-I - CA - T - A - -	A - - - - - -	I - A - C - A - -	GT - GAGT - - -
CPZ, CM_05, SIVcpZM145	-C - AA - AAA - - -	C - G - AGT - - -	I - C - A - A - -	IG - A - CI -
CPZ, CM_05, SIVcpZM695	-C - A - CAA - T - A -	G - CA - - - -	T - T - AC - A - -	5005 - G - G -
CPZ, CM_05, SIVcpZMB7	-C - C - C - T - A -	M - G - A - T -	A - A - C - A - -	5005 - G - G -
CPZ, CM_ - SIVcpZMB897	-C - C - CA - - - -	M - G - A - T -	A - A - C - A - -	5005 - G - G -
CPZ, CM_ - SIVcpZDP943	-G - A - A - CAAT - A -	C - G - T - - - -	T - C - A - C - -	5005 - G - G -
CPZ, CM_98, CAMS	-G - A - A - CAAT - A -	G - T - - - -	T - T - A - C - -	5005 - G - G -
CPZ, GA_88, GAB1	-C - TCAAT - A -	GGTA - - - -	T - R - A - C - -	5135 - G - G -
CPZ, GA_88, GAB2	-G - A - A - CA - -	TC - G - G - AT -	A - A - C - A - -	5286 - G - G -
CPZ, US_85, CPZUS	-G - C - CA - T - A - C -	A - TT - - - -	A - T - AC - A - -	5286 - G - G -
CPZ, TZ_2001, TAN2	-G - AAA - CACA - - -	CC - ACAG - - -	A - G - C - C - -	30832 - Y -
CPZ, TZ_2002, TAN3_1	-G - AAA - CACA - - -	CC - ACAG - - -	A - G - C - C - -	30832 - Y -
GOR, CM_2007, SIVgor2139_287	-G - A - AA - T - A -	G - G - A - T -	A - T - C - A - -	293737 - G - G -
GOR, CM_2007, SIVgorCP2135con	-G - A - AA - T - A -	G - A - T -	A - T - C - A - -	293737 - G - G -
GOR, CM_2004, SIVgorCP64con	-G - A - AA - T - A -	G - A - T -	A - T - C - A - -	288939 - G - G -
RCM, CM_SIVrcm_02CM8081	-G - AGA - TAAT - A - T - G	GGAA - - - -	A - A - T - T - A -	270707 - G - G -
RCM, GA_X_GAB1	-G - AGA - TAAT - A - T - G	GGAA - - - -	A - A - T - T - A -	270707 - G - G -
RCM, GA_X_GAB2	-G - AGA - TAAT - A - T - G	GGAA - - - -	A - A - T - T - A -	270707 - G - G -
RCM, GA_X_GAB3	-G - AGA - TAAT - A - T - G	GGAA - - - -	A - A - T - T - A -	270707 - G - G -
RCM, GA_X_GAB4	-G - AGA - TAAT - A - T - G	GGAA - - - -	A - A - T - T - A -	270707 - G - G -
H2A, DE_X_BEN18	-C - G - AAA - CAA - - -	CC - G - TA -	A - A - C - A - -	38181 - G - G -
H2B, CI_X_EHO	-C - G - AAA - CAA - - -	CC - G - TA -	A - A - C - A - -	38181 - G - G -
H2G, CI_92, ABT96	-C - G - AAA - TAAC - - -	M - G - CT -	A - T - A - AC -	37899 - G - G -
H2F, FR_96, 12034	T - G - AAA - T - A - C -	G - GTT - - - -	A - A - C - A - -	33000 - G - G -
SMN, SL_92, SL92B	T - AAA - A - AA - C -	G - GC - A -	A - A - AC - - - -	33000 - G - G -
MAC, US_X_239	T - G - AAAG - - - -	C - G - G - C -	GCA - A - - - -	37351 - G - G -
Pol	T - G - AAAG - - - -	C - G - G - C -	GCA - A - - - -	37351 - G - G -
STM, US_X_STM	C - G - AAAA - - - -	AAAT - A - TC - G - GT -	T - W - V - N - D - I - Q - K - L - V - G - V - L - N - W - A - O - I - P - G - I - K - T - H - L - C - R - I - R - G - M - T - L - T - F -	33826 - G - G -
MNE, US_X_MNE027	T - G - AAAA - - - -	AAAT - A - TC - G - GT -	T - A - C - A - AC - G - G - G - C - A - C -	33826 - G - G -
DEB, CM_SIVdeb04CMFP3061	ACC - A - A - TCA - C - T - GG -	GGAA - - - -	T - A - C - A - - - -	34232 - G - G -
DEB, CM_99, CM5	T - GTT - A - A - A -	G - G - GGAG -	T - A - C - A - C - - - -	34232 - G - G -
DEN, CD_X_C1	A - A - AAA - AC - - -	TTGCC - GAGTGGGAC	T - G - CA - - - -	33226 - G - G -
LST, LD_88, 447	A - G - AAA - CAA - TAA - A -	C - T - CTTCAAGAGAGCA -	T - A - C - A - - - -	270707 - G - G -
LST, LD_88, 485	A - G - AAA - TAA - A -	CTTCAAGAGAGCA -	T - A - C - A - - - -	270707 - G - G -
LST, LD_88, 524	A - G - AGAG - AAA - G - T	CAAGGAAAACACT - A -	A - T - AC - G - A - AGTT - C -	270707 - G - G -
LST, KE_x_lh07	A - G - AAA - TAAAT - A - G - TG -	TCTAACAAACAACT - A -	A - T - AC - G - A - AGTT - C -	270707 - G - G -
SUN, GA_X_L914	A - G - AGAG - AAAAT - A - G - TG -	TCTAACAAACAACT - A -	A - T - AC - G - A - AGTT - C -	270707 - G - G -
MND_1, GA_X_MNDGB1	A - G - AGAG - TAAAT - A - G - TG -	TCTAACAAACAACT - A -	A - T - AC - G - A - AGTT - C -	270707 - G - G -
OLC, CL_97, 97CL12	A - G - AGAG - TAAAT - A - G - TG -	TCTAACAAACAACT - A -	A - T - AC - G - A - AGTT - C -	33226 - G - G -
WRC, CM_98, 98C104	A - G - AGA - AAA - A - GG -	AGAA - - - -	TG - A - A - T - A -	32326 - G - G -
WRC, CM_98, Pht_05GM_X02	A - G - AGA - AAA - A - GG -	AGAA - - - -	TG - A - A - T - A -	32326 - G - G -
MND_2, CM_98, CM16	A - G - AGAAG - AAA - CA -	AGAA - - - -	TG - A - A - T - A -	32326 - G - G -
MND_2, GA_X_M14	A - G - AGAAG - AAA - CA -	AGAA - - - -	TG - A - A - T - A -	32326 - G - G -
MND_2, x_M14	A - T - AAA - CA - A -	A - A - - - -	TG - A - A - T - A -	32326 - G - G -
DRL, X_x_FA0	-G - AGAA - TCGCT - T - T - A - TT -	T - T - A - - - -	- C - A - C - T - C - A - - - -	32326 - G - G -
MON, CM_99, LL1	A - TGGCCAA - A - A - CC - G - ACA -	G - C - A - - - -	AG - A - C - A - GTC - T -	32326 - G - G -
GSN, CM_99, CN166	C - C - GG - GA - AA -	CG - G - T - C -	GCA - A - C - TT - A -	31391 - G - G -
GSN, CM_99, CN71	C - C - A - AG - G - A -	CG - G - T - C -	GCA - A - C - TT - A -	31391 - G - G -
TAL, CM_00, 266	T - AAT - - - -	T - CT - CA -	A - A - C - A - C - T -	34002 - G - G -
TAL, CM_01, 8023	AAA - A - A - A -	GT - - - -	A - A - C - A - C - T -	34002 - G - G -
MUS_1, CM_01, 1085	A - CG - CAT - C - C - AGT -	T - GT - G - A - C -	A - A - C - A - C - T -	31231 - G - G -
MUS_1, CM_01, 239	A - CG - CAT - C - C - AGT -	T - GT - G - A - C -	A - A - C - A - C - T -	31231 - G - G -
MUS_2, CM_01, CM1246	A - CG - CAT - C - C - AGT -	T - GT - G - A - C -	A - A - C - A - C - T -	31231 - G - G -
MUS_2, CM_01, CM2500	A - CG - CAT - C - C - AGT -	T - GT - G - A - C -	A - A - C - A - C - T -	31231 - G - G -
SYK, KE_X_KES5	C - - - - - - - - - -	TTACAGAACAT - CCA -	A - A - C - T - GT - AA -	31807 - G - G -
SYK, KE_X_SYK173	C - - - - - - - - - -	TTACAGAACAT - CCA -	A - A - C - T - GT - AA -	32881 - G - G -
GRV, ET_X_GRI_677	T - G - AAA - A - CA - T - TA - T - G -	TGA - GAA - ATC - A - G - C - GT -	T - T - A - G - A - G - C - T -	36309 - G - G -
SAB, SN_X_SAB1C	A - TA - CAA - A - AT - CCCCTT - AG - A - GAA -	ATC - A - G - C - GT -	T - T - A - G - A - G - C - T -	36351 - G - G -
TAN, UX_X_TAN1	C - G - GAG - CACC - A -	GG - AGAA -	A - G - A - T - AGTC - A -	3831 - G - G -
VER, DE_X_AGM3	C - CAA - A - A - A -	GC - ACA -	A - G - A - T - AT - A -	3558 - G - G -
VER, KE_X_9063	C - A - TAG - AACT - AGA -	G - ACAA -	A - T - C - A - AC - A -	3825 - G - G -
VER, KE_X_AGM155	T - T - AAG - A - AT - AGAG - A -	GG - AGAA -	A - G - A - T - AT - A -	36653 - G - G -
VER, KE_X_TY01_patent	T - C - AGAG - AAAA - T - C - G - T - AG -	GG - AGAA -	A - G - A - T - AT - A -	36653 - G - G -
COL, CM_X_CGU1	T - AAA - CAAAAA - T - C - G - T - AG -	GG - AGAA -	A - G - A - T - AT - A -	32050 - G - G -





p51 end and p66 RT continue\_Pol p15 RNase H start

H1B.FR.83.HXB2  
 Pol H1A1.UG.85.U455  
 H1C.ET.86.ETH220  
 H1D.CD.84.BZR085  
 H1F1.BE.93.VI850  
 H1G.SE.95.S6165  
 H1H.SE.96.S6165  
 H1I.SE.93.SE7887  
 H1K.CM.96.MP535  
 O.BE.1987.ANT70  
 O.CM..BCF06  
 O.CM..MVP5180  
 O.CM..1996.96CMIA02  
 O.CM..1998.98CMABB141  
 O.CM..1998.98CMABB197  
 O.CM..1998.98CMU2901  
 O.CM..1998.98CMU5370  
 O.DI..1991.99NU4122  
 FR..1992.99NU  
 O.US..1999.99USTWLA  
 O.US..I..2478B  
 N.CM..1997.YBF106  
 N.CM..2006.06CM-U14842  
 N.CM..2006.D008131  
 N.CM..2002.02CM-S1Jgdd  
 N.CM..2004.04CM..1015..04  
 N.CM..2004.04CM..1131..03  
 N.CM..2006.06CM..U14296  
 H1N.CM..95.YBF30  
 HIP.FR..06.RBF168  
 HIP.FR..06.U14788  
 CPZ.CD..98.ANT  
 CPZ.CM..SIVcpzCAM13  
 CPZ.CM..SIVcpzMB66  
 CPZ.CM..SIVcpzMT145  
 CPZ.CM..SIVcpzEK505  
 CPZ.CM..SIVcpzLB7  
 CPZ.CM..SIVcpzMB897  
 CPZ.CM..SIVcpzDP943  
 CPZ.CM..98.CAM5  
 CPZ.GA..88.GAB1  
 CPZ.GA..88.GAB2  
 CPZ.US..85.CPZUS  
 CPZ.TZ..2001.TAN2  
 CPZ.TZ..2002.TAN3 1  
 GOR.CM..2004.9909r2139..287  
 GOR.CM..2007.SIVg09rP2135con  
 GOR.CM..2004.SIVg09rP684con  
 RCM.CM..SIVtrm..02CM8081  
 RCM.CM..SIVvagi..00CM312  
 RCM.GA..x.GAB1  
 RCM.NG..x.NG411  
 H2A.DE..x.BEN  
 H2B.CI..x.EHO  
 H2G.CI..92.ABT96  
 H2U.FR..96.12034  
 SMM.SL..92.SL92B

HIV Sequence Compendium 2011

MAC.US..x.239  
 Pol W.O.V.T.W.I.P.E.W.D.F.T.I.S.T.P.P.L.V.R.L.F.N.L.K.D.P.T.E.C.E.E..AT.AC..AT.TG.T-AAC.T-A..GA..G..-A.C..AG..-G..-C..A..4236  
 STM.US..x..STM  
 MNE.US..x..MNE027  
 DEB.CM..SIVdeb04CMMPF3061  
 DEB.CM..99.CM5  
 DEN.CD..x..CD1  
 LST.CD..88.447  
 LST.CD..88.485  
 LST.CD..88.524  
 LST.KE..x..lh07  
 SUN.GA..98.L14  
 MND..2..x..GMDB1  
 OLC..CI..97.97C12  
 WRC..CI..97.97C114  
 WRC..CI..98.98C104  
 WRC..GM..05.Pbt..05GM..X02  
 MND..2..CM..98.CM16  
 MND..2..GA..x..M14  
 MND..2..x..x..5440  
 DRL..x..x..FA0  
 MON.CM..99.L1  
 GSN.CM..99.CN166  
 GSN.CM..99.CN71  
 TAL.CM..00.266  
 CM..81.8023  
 MUS..1..CM..1..x..085  
 MUS..2..CM..01.CM1239  
 MUS..2..CM..01.CM1246  
 MUS..2..CM..01.CM2500  
 SYK..KE..x..KE51  
 SYK..KE..x..SYK173  
 GRV..ET..x..GRI..677  
 SAB..SN..x..SABIC  
 TAN..UG..x..TAN1  
 VER..DE..x..AGM3  
 VER..KE..x..9063  
 VER..KE..x..AGM155  
 VER..KE..x..Y101..patent  
 COL..CM..x..CGU1

Pol RT end\_Pol p15 RNase H start



PLV Complete Genomes

H1B.FR.83.HXB2	TATCACAGTAATTGGAGGACAATGGCTAGTGTATTAACTGCCACCTGTAGTAGCAAAGAAATAGTCAGCTGTATAATGTCAGCTAAA..GGAGAAGCCATGATGCCAGAACAGTAGACTGTAGTCAGGAAATATGGCACTAGATTGACACATTAGAAGG	4438
Pol	Y H S N W R A M A S D F N L P P V V A K E I V A S C D K C O L K . G E A M H G O V D C S P G I W Q L D C T H L E G	3884
H1A.UG.85.U455	-----T-C-C-----T-----G-----G-G-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----	3830
H1C.ET.86.ETH220	-----C-----A-----A-----TA-C-----C-----C-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----A-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----	3830
HD.CD.84.8ZK085	-----C-----A-----A-----TA-C-----C-----C-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----A-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----	3960
H1F1.BE.93.VI850	-----AC-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----	3784
H1G.SE.93.56165	-----AC-----C-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----	3785
H1H.CM.90.051	-----T-----AC-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----T-----G-----A-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----C-----	3785
H1J.SE.93.SE7887	-----T-----AC-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----T-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----G-----T-----C-----C-----	3752
H1K.CM.96.MP535	-----T-----AC-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----	3634
O.BE.1987.ANT70	-----T-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----CC-----C-----TA-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----C-----	4493
O.CM.1.BCF06	-----T-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----CC-----C-----TA-----A-----G-----A-----C-----T-----AC-----A-----	4491
O.CM.1991.MPV5180	-----T-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----CC-----C-----TA-----A-----G-----A-----C-----T-----AC-----A-----	4467
O.CM.1996.96CM102	-----T-----C-----A-----A-----G-----A-----AA-----C-----A-----T-----T-----CC-----Y-----TA-----G-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----	3928
O.CM.1998.98CMABB141	-----T-----C-----A-----G-----A-----AA-----C-----A-----T-----T-----CC-----Y-----TA-----G-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----	3923
O.CM.1998.98CMABB197	-----T-----C-----A-----G-----A-----AA-----C-----A-----T-----T-----CC-----Y-----TA-----G-----A-----A-----T-----C-----G-----G-----	3875
O.CM.1998.98CMU2901	-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----CC-----Y-----TA-----G-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----	3931
O.CM.1998.98CMU5337	-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----CC-----Y-----TA-----G-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----	3935
O.CM.1998.98CMU4122	-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----CC-----Y-----TA-----G-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----	3923
O.FR.1992.VAU	-----T-----C-----R-----T-----A-----C-----GGAT-----A-----AA-----C-----G-----CA-----T-----T-----CC-----G-----TA-----G-----A-----A-----R-----T-----G-----	4004
O.US.1999.99USTWLA	-----T-----C-----R-----T-----A-----C-----GGAT-----A-----AA-----C-----G-----CA-----T-----T-----CC-----G-----TA-----G-----A-----A-----R-----T-----G-----	3921
O.US.1.I.24788	-----T-----C-----R-----T-----A-----C-----GGAT-----A-----AA-----C-----G-----CA-----T-----T-----CC-----G-----TA-----G-----A-----A-----R-----T-----G-----	4494
O.NM.1997.YBF106	-----A-----A-----C-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----A-----G-----A-----GA-----CA-----T-----G-----G-----	4030
N.CM.2006.06CM-U14842	-----C-----C-----C-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----A-----G-----A-----GA-----CA-----T-----G-----G-----	3945
N.CM.2002.DJ00131	-----C-----C-----C-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----A-----G-----A-----GA-----CA-----T-----G-----G-----	3944
N.CM.2002.02CM-SJgddd	-----C-----A-----C-----T-----C-----CA-----G-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----A-----G-----A-----GA-----CA-----T-----G-----G-----	3928
N.CM.2004.04CM-1015-04	-----C-----A-----C-----T-----C-----CA-----G-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----A-----G-----A-----GA-----CA-----T-----G-----G-----	3943
N.CM.2004.04CM-1131-03	-----C-----C-----C-----T-----R-----C-----CA-----G-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----A-----G-----A-----GA-----CA-----T-----G-----G-----	3942
N.CM.2006.06CM-U14296	-----C-----C-----A-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----A-----G-----A-----GA-----CA-----T-----G-----G-----	3941
H1N.CM.95.YBF30	-----C-----CC-----A-----G-----G-----G-----T-----A-----C-----AA-----T-----CCCC-----G-----G-----G-----C-----C-----CAC-----C-----C-----	4032
H1P.FR.06.RBF168	-----C-----CC-----A-----R-----GG-----T-----A-----A-----G-----TA-----YAA-----AT-----CCC-----TG-----G-----G-----G-----C-----C-----CAC-----C-----	3889
H1P.CM.90.U47788	-----T-----C-----A-----T-----A-----AGA-----G-----AC-----T-----C-----A-----CA-----AC-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----CAC-----C-----	3877
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-----T-----C-----A-----TT-----G-----G-----A-----AC-----T-----C-----A-----CA-----AC-----T-----G-----G-----TC-----G-----G-----T-----C-----C-----	4018
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-----C-----T-----A-----G-----C-----G-----T-----A-----CA-----G-----T-----G-----A-----AA-----G-----AT-----G-----TC-----G-----G-----T-----C-----C-----	3984
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-----C-----TC-----AG-----C-----C-----T-----A-----AA-----G-----G-----CAA-----T-----AT-----G-----A-----A-----G-----AC-----A-----GG-----T-----C-----C-----	3980
CPZ.CM.05.SIVcpzKE505	-----T-----AG-----C-----C-----T-----A-----C-----CA-----G-----T-----G-----A-----AT-----G-----G-----AT-----G-----A-----A-----G-----AC-----A-----GG-----T-----C-----C-----	4010
CPZ.CM.05.SIVcpzL87	-----C-----T-----A-----C-----T-----C-----CA-----T-----G-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----AC-----A-----GG-----T-----C-----C-----	3993
CPZ.CM.-.SIVcpzMB897	-----C-----AC-----A-----T-----T-----AGA-----A-----TT-----CA-----G-----AT-----C-----AT-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----AC-----A-----GG-----T-----C-----C-----	4004
CPZ.CM.-.SIVcpzDP943	-----T-----A-----T-----A-----C-----C-----C-----G-----C-----T-----G-----CAT-----G-----G-----C-----T-----C-----C-----G-----C-----C-----	4024
CPZ.CM.98.CAM5	-----T-----AC-----C-----A-----T-----T-----C-----C-----T-----G-----CAT-----G-----G-----C-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----C-----	4140
CPZ.GA.88.GAB1	-----T-----C-----C-----A-----T-----TT-----A-----CA-----G-----C-----T-----G-----CAT-----G-----G-----C-----T-----C-----C-----G-----G-----C-----C-----	4499
CPZ.GA.88.GAB2	-----T-----C-----C-----C-----A-----CC-----A-----C-----G-----T-----G-----CAT-----G-----G-----C-----T-----C-----C-----G-----G-----G-----C-----C-----	3831
CPZ.US.85.CPDS	-----T-----C-----C-----C-----G-----C-----T-----C-----AA-----T-----T-----TA-----TCAA-----CCC-----CA-----CA-----A-----G-----G-----T-----C-----C-----	4498
CPZ.TZ.2001.TAN2	-----T-----C-----C-----G-----CT-----A-----GA-----G-----A-----C-----T-----AA-----T-----T-----TA-----TCAA-----CCC-----CA-----CA-----A-----G-----G-----T-----C-----C-----	4087
CPZ.TZ.2002.TAN3	-----T-----C-----C-----G-----CT-----A-----GA-----G-----A-----C-----T-----AA-----T-----T-----TA-----TCAA-----CCC-----G-----C-----TG-----G-----T-----C-----C-----	3975
GOR.CM.2007.SIVgor2139.287	-----T-----C-----C-----G-----CT-----A-----GA-----G-----A-----C-----T-----AA-----T-----T-----CA-----TCAA-----CCC-----G-----C-----TG-----G-----T-----C-----C-----	3974
GOR.CM.2007.SIVgorCP315con	-----T-----C-----C-----G-----CT-----A-----GA-----G-----A-----C-----T-----AA-----T-----T-----CA-----TCAA-----CCC-----G-----C-----TG-----G-----T-----C-----C-----	3727
RCM.CM.2014.SIVgorCP684con	-----T-----A-----AGA-----G-----G-----GGT-----G-----A-----G-----C-----CA-----AAAT-----CCC-----G-----C-----TG-----G-----T-----C-----C-----	3894
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081	-----C-----A-----C-----C-----GGK-----A-----G-----C-----CA-----AAAT-----CCC-----G-----C-----TG-----G-----T-----C-----C-----	3709
RCM.GA.x.GAB1	-----T-----C-----A-----C-----GG-----A-----AA-----G-----G-----CA-----AAAT-----CCC-----G-----C-----TG-----G-----T-----C-----C-----	3917
RCM.NG.x.GN411	-----T-----C-----A-----C-----AA-----T-----AAA-----G-----G-----ACAG-----CCA-----AG-----G-----CAA-----CCC-----G-----G-----G-----AC-----G-----T-----C-----C-----	4820
H2A.DE.x.BEN	-----T-----C-----ATA-----A-----A-----C-----AA-----CCA-----A-----GGAA-----C-----T-----C-----G-----C-----G-----C-----AA-----T-----T-----T-----C-----G-----C-----AC-----C-----	4791
H2B.CT.x.EHO	-----T-----A-----GTA-----A-----AGT-----AA-----CA-----A-----GG-----A-----T-----T-----AA-----T-----T-----A-----G-----G-----C-----G-----T-----C-----G-----G-----	4147
H2G.CT.92.ABT96	-----T-----T-----GTA-----A-----AGT-----AA-----CA-----A-----GG-----A-----T-----T-----AA-----T-----T-----A-----G-----G-----C-----G-----T-----C-----G-----C-----	4299
H2U.FR.96.12634	-----T-----T-----C-----GTA-----A-----AGC-----ACAGCA-----A-----GGTA-----A-----AA-----T-----CT-----C-----GG-----T-----A-----G-----T-----C-----G-----G-----	4168
SMM.SL.92.SL92B	-----T-----C-----GTA-----A-----AGT-----A-----C-----AA-----T-----T-----G-----CATG-----T-----A-----C-----G-----A-----GA-----G-----C-----C-----C-----	4168
MAC.US.x.239	-----C-----T-----GTA-----A-----A-----T-----TATCCA-----A-----GGAT-----A-----CAGAA-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----T-----C-----G-----C-----C-----	4737
Pol	-----K-----Y-----H-----S-----N-----V-----K-----E-----L-----F-----F-----G-----P-----R-----I-----V-----A-----R-----Q-----I-----V-----D-----T-----C-----D-----K-----C-----H-----Q-----O-----Q-----G-----T-----W-----D-----L-----G-----T-----W-----O-----M-----D-----C-----T-----H-----L-----E	4384
STM.US.x.STM	-----T-----C-----GT-----A-----AT-----G-----A-----ACG-----C-----T-----CTTC-----G-----GG-----A-----GGG-----T-----GC-----T-----AT-----CA-----G-----C-----C-----C-----	4205
MNE.US.x.MNE027	-----C-----T-----GT-----A-----AT-----G-----A-----GGAT-----A-----CAGAC-----G-----C-----C-----G-----A-----CA-----T-----G-----CT-----A-----G-----C-----C-----	4425
DEB.CM.SIVdeb04CMPCF3061	-----C-----T-----GT-----A-----ACG-----C-----GGGG-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----AA-----T-----AA-----T-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----	4238
DEB.CM.99.CM5	-----T-----G-----A-----CA-----T-----AG-----A-----A-----C-----GT-----A-----TA-----CT-----A-----C-----GC-----G-----T-----TA-----T-----GC-----T-----C-----	4328
DEN.CD.x.CD1	-----C-----T-----C-----G-----AT-----A-----CAGAGA-----A-----G-----GG-----G-----A-----AA-----T-----CA-----TATG-----T-----CC-----AC-----C-----T-----G-----GCCTC-----T-----C-----	3715
LST.CD.88.447	-----T-----T-----A-----GCT-----A-----ATT-----A-----GGAAA-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----GAAT-----T-----A-----AC-----G-----AA-----T-----T-----C-----	3715
LST.CD.88.485	-----T-----T-----A-----GCT-----A-----ATC-----A-----GGAAA-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----GAAT-----T-----A-----AC-----G-----AA-----T-----T-----C-----	3715
LST.CD.88.524	-----T-----T-----A-----GCT-----A-----AC-----A-----GGAAA-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----GAAT-----T-----A-----AC-----G-----AA-----T-----T-----C-----	4799
LST.CM.92.U177	-----T-----TC-----AC-----GAGCT-----TT-----CAGGAGG-----G-----A-----C-----T-----TA-----G-----C-----G-----G-----GAATGAA-----CAC-----A-----AG-----G-----G-----T-----CTCTCA-----T-----C-----	4309
SUN.GA.98.L14	-----T-----C-----GAAGC-----CA-----T-----AAAGAGA-----A-----CC-----A-----G-----C-----G-----C-----G-----GAATGAA-----CAC-----A-----AG-----G-----G-----T-----CTCTCA-----T-----C-----	4125
MND.GA.x.MNDGB1	-----T-----C-----GAAC-----CA-----T-----AAAGAGA-----A-----CC-----A-----G-----C-----G-----C-----G-----GAATGAA-----CAC-----A-----AG-----G-----G-----T-----CTCTCA-----T-----C-----	3998
OLC.CI.97.CIC12	-----T-----C-----TCAAGG-----G-----A-----C-----AA-----T-----T-----AA-----G-----AGG-----T-----AGTAA-----AG-----G-----AGGG-----G-----C-----C-----T-----C-----	4753
WRC.CI.97.CTC114	-----T-----C-----TCAGGG-----G-----A-----TCAAGGAA-----A-----C-----T-----T-----AA-----T-----A-----AGG-----G-----GG-----G-----C-----C-----T-----C-----	3667
WRC.GM.05.Pbt.05GM_X02	-----T-----C-----TCAGGG-----G-----T-----A-----GGAA-----A-----C-----T-----T-----AA-----T-----A-----AGG-----G-----GG-----G-----C-----C-----T-----C-----	4439
MND-2.CM.98.CM16	-----C-----T-----A-----T-----AA-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----T-----ACAG-----CCA-----G-----G-----G-----GC-----A-----A-----T-----C-----	4366
MND-2.GA.x.M14	-----C-----T-----A-----T-----AA-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----T-----ACAG-----CCA-----G-----G-----G-----GC-----A-----A-----T-----C-----	3999
MND-2.x.x.M540	-----C-----T-----A-----T-----AA-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----T-----ACAG-----CCA-----G-----G-----G-----GC-----A-----A-----T-----C-----	4005
DRL.x.x.FAO	-----C-----T-----A-----T-----CT-----A-----AA-----G-----G-----G-----ACAG-----CCA-----G-----G-----G-----GC-----A-----A-----T-----C-----G-----G-----	4166
MON.CM.99.L1	-----T-----A-----TACT-----A-----GGAGAGA-----ACC-----A-----T-----TA-----C-----GT-----G-----C-----G-----AA-----T-----CT-----C-----G-----A-----G-----C-----	4141
GSN.CM.99.CN166	-----T-----A-----AGT-----A-----GGAGAGA-----ACC-----A-----T-----TA-----C-----GT-----G-----C-----G-----AA-----T-----CT-----C-----G-----A-----G-----C-----	4141
TAL.CM.99.LN71	-----T-----A-----AGT-----A-----GGAGAGA-----ACC-----A-----T-----TA-----C-----GT-----G-----C-----G-----AA-----T-----CT-----C-----G-----A-----G-----C-----	4141
TAL.CM.01.B623	-----C-----T-----AC-----GGGG-----A-----AC-----A-----C-----CA-----G-----CT-----TA-----G-----G-----GG-----G-----C-----C-----A-----AC-----G-----AAAC-----T-----	4004
MUS-1.CM.01.1085	-----C-----T-----AC-----GGGG-----A-----AC-----A-----C-----CA-----G-----CT-----TA-----G-----G-----GG-----G-----C-----C-----A-----AC-----G-----GGACCA-----T-----	3902
MUS-1.CM.01.CM1239	-----C-----T-----AC-----GGGG-----A-----AC-----A-----C-----CA-----G-----CT-----TA-----G-----G-----GG-----G-----C-----C-----A-----AC-----G-----GGACCA-----T-----	4128
MUS-2.CM.01.CM1246	-----C-----T-----AC-----GGGG-----A-----AC-----A-----C-----CA-----G-----CT-----TA-----G-----G-----GG-----G-----C-----C-----A-----AC-----G-----GGACCA-----T-----	4118
MUS-2.CM.01.CM2500	-----C-----T-----AC-----GGGG-----A-----AC-----A-----C-----CA-----G-----CT-----TA-----G-----G-----GG-----G-----C-----C-----A-----AC-----G-----GGACCA-----T-----	4226
SYK.KE.x.KE51	-----C-----T-----GAGA-----TAC-----A-----GGGCA-----A-----C-----T-----A-----C-----GAGAC-----C-----C-----CT-----TA-----G-----GG-----G-----C-----C-----A-----ACAGA-----T-----	4185
SYK.KE.x.SYK173	-----C-----T-----CA-----AT-----GGAT-----TAC-----A-----GGGT-----A-----CA-----G-----CAC-----C-----C-----TA-----CAACAA-----CCA-----AAAT-----G-----G-----G-----G-----	4293
GRV.ET.x.GRI.677	-----C-----T-----AC-----GGT-----A-----TAA-----A-----GGAT-----A-----TAA-----A-----GG-----G-----G-----GGCA-----CCC-----C-----AA-----G-----G-----G-----G-----	4638
SAB.SN.x.SAB1C	-----C-----T-----AC-----GGT-----A-----TAA-----A-----GGAT-----A-----TAA-----A-----GG-----G-----GGCA-----CCC-----C-----AA-----G-----G-----G-----G-----	4636
TAN.UG.x.TAN1	-----T-----C-----CA-----TT-----A-----AGAGA-----A-----CGGTA-----C-----G-----AC-----G-----G-----GT-----TCC-----AA-----TCG-----T-----G-----G-----G-----	4637
VER.DE.x.AGM3	-----C-----T-----A-----GAAT-----A-----GGACAC-----A-----GG-----A-----AAA-----T-----G-----TG-----CCA-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	4160
VER.KE.x.9063	-----T-----A-----AA-----T-----GGACAC-----A-----GGAT-----A-----AGA-----T-----C-----G-----GG-----G-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----	4665
VER.KE.x.AGM155	-----C-----T-----AA-----T-----GGACAC-----A-----GGAT-----A-----AAA-----T-----T-----GG-----T-----CCA-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----	4657
VER.KE.x.TY01.patent	-----T-----A-----AA-----A-----AC-----A-----GG-----A-----GGG-----T-----AAA-----T-----A-----GG-----T-----CCA-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----	4662
COL.CM.x.CGU1	-----T-----T-----GT-----CATG-----T-----AAAC-----GGGT-----A-----CA-----G-----TGG-----AA-----T-----T-----AAC-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----	4201

## Alignments

PLV Complete Genomes



PLV Complete Genomes

## Alignments







PLV Complete Genomes

## Alignments

H1B.FR.83.HXB2	ACATA.....GTTAGCCCTAGGTGAAATCAAGCAGGACATAACAAG.	.....GTAGATCTACAACTACTGGCACTAGCAGCATTAATA.	.....ACACCAAAAAAGATA.....AAGCCACCTTGCCTAGTGTACGAAACTG
Vif	H I V S P R C E Y Q O A G H N K	V G S O Y L A L A A L I	T P K K I K P P L P S V T K L
H1A.UG.85.U455	-A-----A-----C-----T-----	-T-----T-----GA-----G-----	-C-----C-----G-----G-----
H1C.ET.86.ETH220	-T-G-----A-----C-----T-----	-C-----T-----A-----G-----	G-----G-----G-----G-----
HD.CD.84.8ZK085	-A-----A-----C-----T-----	-A-----T-----G-----G-----	-AG-----G-----G-----G-----
H1F1.VE.93.VI850	-T-G-----A-----A-C-----T-----	-C-----T-----A-----G-----	G-T-----G-----G-----G-----
H1G.SE.93.66165	-A-----A-----A-C-----C-----	-A-----T-----G-----G-----	-G-----G-----G-----G-----
H1J.SE.93.9051	GTC-----A-----A-C-----C-----	-A-----T-----G-----G-----	G-T-----G-----G-----G-----
H1J.SE.93.SE7887	A-----A-----C-----C-----	-A-----T-----G-----G-----	-A-----G-----G-----G-----
H1K.CM.96.MP535	-T-G-----T-----G-----	-CT-----T-----CA-----	A-G-----G-----GC-----G-----
0.BE.1987.ANT70	-G-G-----ACTGA-C-A-----C-CTA-----GTC-----	-GA-A-----CTGC-A-T-----AG-----G-----G-----	-A-G-----G-----GC-----GG-----
O.CM.1980.BCF06	-G-G-----GCTGA-C-----CTCT-----GTC-----	-GA-A-----G-----T-----CT-----G-----G-----	AGGT-----GA-----AC-----
O.CM.1991.MPV5180	-G-G-----GCTGA-C-A-----C-TG-----GTC-----	-GA-A-----T-----A-----CT-----G-----G-----	-A-G-----G-----AT-----G-----
O.CM.1996.96CM102	-G-G-----ACTGA-C-A-----C-CT-A-----GT-----	-GA-A-----CTAC-A-T-----AG-----G-----TG-----	-T-----C-----A-----C-----CCA-----
O.CM.1998.98CMABB141	-G-G-----ACTGA-C-A-----CTCT-----GTC-----	-GA-A-----CTAC-A-T-----AG-----TG-----G-----	-A-G-----G-----AT-----G-----
O.CM.1998.98CMABB197	-A-G-----ACTGA-C-----CACT-----G-----	-GA-A-----CTAC-A-T-----AG-----TG-----G-----	-T-----CC-----A-----C-----CCA-----
O.CM.1998.98CMU2901	-G-G-----ATTG-----A-C-----CACT-----GTC-----	-GA-A-----CTAC-A-T-----AG-----G-----G-----	-A-G-----G-----AT-----G-----
O.CM.1998.98CMU5337	-G-G-----ACTGA-C-A-----C-C-----GTC-----	-GA-A-----CTAC-A-T-----AG-----TG-----G-----	-T-----CC-----A-----C-----CCA-----
O.CM.1998.98CMU4122	-G-G-----A-YTGA-C-A-----C-CT-----GTC-----	-GA-A-----CTAC-A-T-----AG-----TG-----G-----	-A-G-----G-----AT-----G-----
O.FR.1992.VAU	-G-G-----CTGA-C-----TC-TAA-----GTC-----	-GA-A-----CTAC-A-T-----AG-----TG-----G-----	-A-----G-----T-----A-----C-----CCA-----
O.US.1999.99USTWLA	-G-G-----ACTGA-C-A-----C-CT-----GTC-----	-GA-A-----CTAC-A-T-----AG-----TG-----G-----	GG-GA-----GA-----AT-----G-----
O.US.1999.I-2478B	-A-G-----ACTGA-C-A-----C-CT-----GTC-----	-GA-A-----CTAC-A-T-----AG-----TG-----G-----	-GA-----G-----AT-----G-----
N.CM.1997.YBF106	GACC-----GTTA-----M-----CG-----G-----MC-----	CA-----TC-----A-----M-----A-----C-----RGG-----G-----	GG-GT-----G-----G-----G-----
N.CM.2006.06CM-U14842	-ACC-----ATT-----C-----G-----G-----AC-----	CA-----CT-----TC-----A-----CA-----C-----GGG-----G-----	G-----T-----GT-----A-----
N.CM.2002.DJ00131	GACC-----ATT-----CG-----G-----C-----TC-----	CA-----CT-----TC-----A-----CA-----C-----GGG-----G-----	G-----T-----GT-----A-----
N.CM.2002.02CM-SJgdd	GACC-----AGTA-----A-----C-----G-----CC-----AC-----	CA-----CT-----TC-----A-----AG-----G-----G-----	G-----T-----GT-----A-----
N.CM.2004.04CM-1015-94	GACA-----ATT-----CT-----G-----C-----CC-----	ATA-----CT-----TC-----A-----T-----A-----T-----G-----GG-----G-----	GG-GT-----AT-----G-----G-----
N.CM.2004.04CM-1131-03	GACA-----ATT-----CT-----G-----C-----CC-----	CA-----CT-----TC-----A-----T-----A-----T-----G-----GG-----G-----	GG-GT-----AT-----G-----G-----
N.CM.2006.06CM-U14296	GACC-----ATT-----A-----C-----G-----C-----AC-----	CA-----CT-----TC-----A-----A-----C-----GGG-----G-----	GG-GT-----GT-----G-----G-----
H1N.CM.95.YBF30	GACC-----ATT-----A-----C-----G-----C-----AC-----	CA-----CT-----TC-----A-----A-----C-----GGG-----G-----	GG-GT-----G-----G-----G-----
H1P.FR.06.RBF168	-GO-----ATT-----G-----G-----G-----G-----	C-----CT-----G-----G-----G-----G-----	G-----T-----GT-----A-----
H1P.CM.90.I-4748B	-GO-----ATT-----GAY-----MA-----G-----	C-----CT-----G-----G-----G-----A-----	CCA-----I-----I-----G-----
CPZ.CM.90.ANG1	-A-G-----A-ATT-----ATAC-----CC-----C-----CA-----GAAG-----G-----	GA-----A-----G-----G-----T-----TTGTAAGA-----G-----	GGGGGGGT-----R-----G-----
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-T-----T-----AGAA-----CC-----CT-----CAG-----A-----	CA-----C-----T-----C-----A-----T-----A-----G-----	.GAATTAGAGG-----TACCCC-----GGGCC-----GAAG-----AQ-----C-----
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-A-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----	C-----C-----T-----G-----A-----T-----G-----A-----	C-----GT-----T-----TC-----A-----
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-GGC-----CCT-----A-----TC-----A-----G-----C-----G-----	G-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----	A-----A-----C-----G-----A-----AT-----
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	GACC-----A-TA-----A-----C-----CT-----G-----AC-----	C-----C-----T-----A-----T-----G-----G-----	CTCA-----AG-----A-----GT-----A-----
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	GAG-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----	A-----C-----T-----A-----T-----C-----C-----T-----	GG-GT-----CT-----G-----G-----
CPZ.CM.----SIVcpzMB897	-A-----A-----A-----TC-----C-----C-----C-----	CA-----T-----A-----CT-----C-----G-----C-----	CA-----AG-----GCCA-----C-----
CPZ.CM.----SIVcpzDP943	CACA-----AGTT-----A-----G-----C-----C-----AC-----	G-----C-----T-----A-----CT-----A-----G-----C-----GGG-----G-----	A-----AG-----G-----C-----A-----
CPZ.CM.98.CAM5	-ACA-----ATAT-----A-----C-----C-----A-----C-----AC-----	K-----G-----A-----T-----A-----C-----AG-----T-----GGG-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----
CPZ.GA.88.GAB1	-GC-----T-----AGCG-----C-----T-----CA-----A-----C-----GCC-----	CT-----G-----T-----A-----C-----AA-----T-----	GG-GT-----CT-----A-----C-----
CPZ.GA.88.GAB2	-G-----T-----G-----CAAAGT-----TC-----TAGG-----G-----CCTC-----A-----	TCAG-----A-----TC-----CA-----T-----CA-----G-----G-----	A-----A-----C-----G-----A-----AT-----
CPZ.US.85.CPDS	GACC-----A-----T-----C-----AA-----C-----CT-----G-----G-----	TC-----A-----T-----G-----T-----G-----A-----	CC-----A-----C-----T-----T-----C-----
CPZ.TZ.2001.TAN2	-A-----A-----A-----ACTGA-----ATT-----CC-----T-----A-----	GA-----T-----A-----T-----C-----A-----AA-----G-----Y-----	G-----T-----T-----I-----
CPZ.TZ.2002.TAN3	-A-----A-----A-----CTCTA-----TC-----C-----T-----A-----	GA-----T-----A-----T-----C-----A-----AA-----G-----Y-----	AGGGA-----A-----GAGG-----CTTG-----CA-----I-----
GOR.CM.2007.SIVgor2139.287	GOR.CM.2007.SIVgorCP135con	GOR.CM.2004.SIVgorCP684con	GOR.CM.2007.SIVgorCP135con
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081	-A-----A-----C-----CTGTG-----A-----A-----C-----C-----C-----	CT-----G-----A-----C-----A-----CA-----T-----GGGCTA-----G-----	GGGG-----GTC-----G-----G-----
RCM.CM.SIVvagi-00CM312	-A-----A-----C-----CTGTG-----T-----G-----TC-----G-----G-----	GA-----A-----C-----A-----C-----A-----CA-----T-----GGGCTA-----G-----	GA-----C-----T-----T-----A-----CA-----
RCM.GA.NG.G411	-G-----A-----G-----TGTG-----T-----GG-----G-----G-----G-----	GA-----A-----T-----G-----C-----T-----TT-----A-----CA-----	A-----A-----G-----T-----G-----G-----
H2A.DE.x.BEN	-A-----A-----T-----ATTG-----CT-----C-----CA-----C-----	GA-----A-----T-----G-----C-----T-----TT-----A-----CA-----	GGGG-----GTC-----G-----G-----
H2B.CI.x.EHO	-A-----A-----A-----ATTG-----CC-----AC-----C-----C-----	GA-----A-----T-----G-----C-----T-----TT-----A-----CA-----	GA-----C-----T-----A-----CA-----
H2G.CI.92.ABT96	-GAG-----A-----ATTG-----CT-----C-----CA-----C-----	GA-----A-----T-----G-----C-----T-----TT-----A-----CA-----	GGGG-----GTC-----G-----G-----
H2U.FR.96.12634	-ACAG-----T-----ATTG-----CT-----C-----T-----C-----G-----	CC-----A-----T-----G-----C-----T-----TT-----A-----CA-----	GA-----C-----T-----A-----CA-----
SMM.SL.92.SL92B	-GCA-----G-----TTAT-----CTAC-----GC-----CGG-----T-----C-----	CC-----A-----T-----G-----C-----T-----TT-----A-----CA-----	GGGG-----GTC-----G-----G-----
MAC.US.x.239	-ACA-----C-----GCTGT-----T-----C-----CAGG-----TC-----CGAG-----CT-----	CC-----AGC-----G-----A-----GAA-----T-----G-----G-----GG-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
Vif	E Q L L S C R F P R A H K Y O	V P S L O Y L A L K V V S	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
STM.US.x.STM	-A-----AG-----T-----ACTGT-----T-----C-----CAGG-----TCAGGA-----CT-----	CC-----AGC-----G-----A-----TT-----AA-----T-----T-----G-----GGA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
MNE.US.x.MNE027	-ACA-----C-----GCTGT-----T-----C-----CAGG-----TCAG-----CT-----	CC-----AG-----G-----A-----GAG-----T-----G-----G-----GT-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
DEB.CM.SIVdeb04CMCPF3061	-G-----AG-----C-----GCTGT-----CT-----C-----CC-----GC-----ACAGG-----AGGT-----	AACGGAC-----CCT-----AT-----G-----A-----TTGCT-----AGG-----T-----GCC-----AAAT-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
DEB.CM.99.CMS	-G-----A-----C-----ACTA-----AAC-----C-----GC-----AT-----CCATA-----GGGGACAC-----AGGT-----	AAAGGAC-----CCC-----AT-----G-----A-----AGGA-----GC-----G-----AAAT-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
DEN.CD.x.CD1	-AG-----G-----CTCTGAC-----CT-----CCAGG-----GC-----A-----C-----T-----CTCA-----	AGGACAGGTCC-----TAGGGA-----GGGCC-----CATT-----AGTATAT-----G-----T-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
LST.CD.88.447	-A-----AG-----A-----ATG-----ATT-----CTATG-----CCA-----T-----A-----	GGTGT-----TCT-----AT-----G-----T-----CTGCT-----GAG-----C-----CA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
LST.CD.88.485	-A-----AG-----A-----ATG-----TC-----C-----CTATG-----CCA-----T-----A-----	GGTGT-----TCT-----AT-----G-----T-----CTGCT-----GAG-----C-----CA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
LST.CD.88.524	-A-----AG-----A-----CTG-----AC-----C-----A-----ATG-----CTA-----T-----A-----	GGTGT-----TCT-----AT-----G-----T-----CTGCT-----GAG-----C-----CA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
LST.KM.117	-A-----AG-----A-----CTG-----CT-----C-----CT-----CT-----T-----A-----	GGCTG-----TCT-----T-----G-----T-----CTGCT-----GAG-----C-----TC-----CC-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
SUN.GA.98.L14	-A-----A-----A-----ACTA-----GA-----C-----A-----C-----T-----CT-----C-----	GGCTG-----TCT-----T-----G-----T-----CTGCT-----GAG-----C-----TC-----CC-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
MND.GA.X.MNDGB1	-A-----A-----A-----CAT-----GAT-----TCT-----CT-----C-----G-----	GGCTG-----TCT-----T-----G-----T-----CTGCT-----GAG-----C-----TC-----CC-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
OLC.CI.97.CCT112	GT-A-----ATAAAC-----G-----TAGA-----GCA-----C-----G-----	GGCTG-----TCT-----GAG-----C-----TC-----CTGCT-----GAG-----C-----G-----G-----A-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
WRC.CI.97.CCT114	GA-----G-----GTTAGAGATA-----A-----AAAGCG-----C-----CAA-----GCA-----C-----	GGCTG-----TCT-----GAG-----C-----TC-----CTGCT-----GAG-----C-----GCA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
WRC.CI.98.CI804	GA-----G-----GTTAGAGATA-----A-----AAAGCG-----C-----CAA-----GCA-----C-----	GGCTG-----TCT-----GAG-----C-----TC-----CTGCT-----GAG-----C-----GCA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
WRC.GM.05.Pbt.05GM_X02	G-----G-----GTTATTACATCT-----TAGA-----C-----A-----TCA-----CTA-----	GGCTG-----TCT-----GAG-----C-----TC-----CTGCT-----GAG-----C-----GCA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
MND.2.CM.98.CM16	-G-----G-----C-----A-----CAGT-----G-----CT-----C-----CTG-----	GGCTG-----TCT-----GAG-----C-----TC-----CTGCT-----GAG-----C-----GCA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
MND.2.GA.x.M14	-A-----G-----A-----AGTAG-----G-----T-----CAGC-----CTCTG-----	GGCTG-----TCT-----GAG-----C-----TC-----CTGCT-----GAG-----C-----GCA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
MND.2.x.x.M440	-A-----G-----G-----CTG-----T-----C-----CTCTG-----	GGCTG-----TCT-----GAG-----C-----TC-----CTGCT-----GAG-----C-----GCA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
DRL.x.x.FAO	-T-----G-----A-----CAAG-----CT-----T-----CT-----CTAG-----G-----C-----	GGCTG-----TCT-----GAG-----C-----TC-----CTGCT-----GAG-----C-----GCA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
MON.CM.99.L1	-G-----AG-----C-----CTTGGG-----G-----G-----	GGCTG-----TCT-----GAG-----C-----TC-----CTGCT-----GAG-----C-----GCA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
GSN.CM.99.CN166	-G-----AG-----C-----CTTGGG-----G-----G-----	GGCTG-----TCT-----GAG-----C-----TC-----CTGCT-----GAG-----C-----GCA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
GSN.CM.99.CN71	-G-----AG-----A-----CTCTGAGAT-----G-----CT-----CCAC-----	GGCTG-----TCT-----GAG-----C-----TC-----CTGCT-----GAG-----C-----GCA-----C-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
TAL.CM.01.2623	-GG-----G-----ACAG-----G-----G-----	GACAGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
TAL.CM.01.8023	-GG-----G-----CTCTG-----CT-----CATAA-----GG-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
MUS.1.CM.01.1085	-GG-----G-----CTCTG-----CT-----G-----AC-----G-----C-----CA-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
MUS.1.CM.01.CM1239	-GG-----G-----AC-----AC-----G-----C-----AC-----C-----CA-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
MUS.2.CM.01.CM1246	-GG-----G-----CCTCTAGG-----CT-----C-----C-----CC-----A-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
MUS.2.CM.01.CM2500	-GG-----G-----A-----CTCTGG-----TT-----C-----C-----G-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
SYK.KE.x.KE51	-GG-----G-----G-----CTCTG-----G-----G-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
SYK.KE.x.SYK173	-GG-----G-----T-----G-----CAT-----ACAC-----CTGGAC-----C-----CATACTG-----CC-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
GRV.ET.x.GRI.677	-G-----AG-----TA-----CGTGG-----CAC-----TCA-----G-----A-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
SAB.SN.x.SAB1C	-A-----AG-----TA-----CTTGGG-----A-----C-----C-----G-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
TAN.UG.x.TAN1	-A-----AG-----TA-----CTTGGG-----A-----C-----G-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
VER.DE.x.AGM3	-G-----GG-----T-----C-----C-----TC-----CC-----AG-----C-----G-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
VER.KE.x.9063	-G-----GG-----T-----C-----C-----CC-----AG-----C-----G-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
VER.KE.x.AGM155	-GG-----G-----T-----C-----C-----G-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
VER.KE.x.TY01_patent	-G-----G-----T-----C-----G-----A-----G-----G-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----
COL.CM.x.CGU1	G-----T-----CCCT-----GAA-----CCT-----T-----TC-----G-----	GACTGGCC-----CCG-----CT-----G-----A-----G-----G-----G-----	GG-GT-----G-----A-----G-----G-----

PLV Complete Genomes

## Alignments

H1B.FR.83.HXB2	5558
Vif	5004
HIA1.UG.85.U455	4950
HIC.ET.86.ETH2220	5080
HD.D.84.84ZK085	5078
HIF1.BE.93.VI850	4955
HIG.SE.93.56165	4958
HII.G.90.051	4905
HIJ.SE.93.SE7887	4872
HIK.CM.96.MP535	4754
O.BE.1987.ANT70	5674
O.CM.-BCF06	5672
O.CM.1991.MVP5180	5648
O.CM.1996.96CMA102	5109
O.CM.1998.98CMABB141	5104
O.CM.1998.98CMABB197	5056
O.CM.1998.98CMU2901	5107
O.CM.1998.98CMU5337	5106
O.CM.1998.98CMU4122	5104
O.FR.1992.VAU	5185
O.US.1999.99USTWLA	5102
O.US.I.2478B	5675
N.CM.1997.YBF106	5150
N.CM.2006.06CM-U14842	5065
N.CM.2002.DJ09131	5064
N.CM.2002.02CM-SJGddd	5048
N.CM.2004.04CM-1015-04	5063
N.CM.2004.04CM-1131-03	5062
N.CM.2006.06CM-U14296	5061
HIN.CM.95.YBF30	5152
HIP.FR.06.RBF168	5059
HIP.CM.99.U478B	5029
CP2.CM.99.ANC	5105
CP2.CM.01.SIVcpzCAM13	5141
CP2.CM.05.SIVcpzMB66	5104
CP2.CM.05.SIVcpzMT145	5100
CP2.CM.05.SIVcpzEK505	5130
CP2.CM.05.SIVcpzLB7	5113
CP2.CM.-SIVcpzMB897	5124
CP2.CM.05.SIVcpzDP943	5144
CP2.CM.98.CAM5	5260
CP2.GA.88.GAB1	5622
CP2.GA.88.GAB2	4951
CP2.US.85.CPDS	5618
CP2.US.90.TAN2	5253
CP2.Z.2002.TAN3.1	5095
GOR.CM.2007.SIVgorCP2139.287	5094
GOR.CM.2007.SIVgorCP2135con	5014
GOR.CM.2004.SIVgorCP584con	5132
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081	5114
RCM.CM.SIVvagi-00CM312	5114
RCM.GA.x.GA1	5104
RCM.NG.x.NG411	5346
H2A.DE.x.BEN	6222
H2B.CI.x.EHO	6193
H2G.CI.92.ABT96	5546
H2U.FR.96.12634	5694
SMM.SL.92.SL92B	5750
Vif end.	
MAC.US.x.239	6133
Vpx	5508
Vif	5321
STM.US.x.STM	5495
MNE.US.x.MNE027	4777
DEB.CM.SIVdeb04CMFP3061	4777
DEB.CM.99.CM5	4774
DEN.CD.x.CD1	5858
LST.CD.88.447	5298
LST.CD.88.485	5359
LST.CD.88.524	5826
LST.KE.x.lho7	5841
SUD.GA.98.14	4758
MND.GA.x.MNDGB1	5226
OLC.CI.97.97CI12	5357
WRC.CI.97.97CI14	5292
WRC.CI.98.98CI04	5314
WRC.GM.05.Pbt.05GM_X02	5431
MND.2.CM.98.CM16	5384
MND.2.GA.x.M14	5357
MND.2.x.x.M540	5700
DRL.x.x.FAO	5682
MON.CM.99.L1	5910
GSN.CM.99.CN166	5314
GSN.CM.99.CN71	5431
TAL.CM.01.266	5384
TAL.CM.01.8023	5357
MUS.1.CM.01.1085	5292
MUS.1.CM.01.CM1239	5314
MUS.2.CM.01.CM1246	5292
MUS.2.CM.01.CM2500	5314
SYK.KE.x.KE51	5700
SYK.KE.x.SYK173	5682
GRV.ET.x.GRI677	5910
SAB.SN.x.SAB1C	5738
TAN.UG.x.TAN1	5243
VER.DE.x.AGM3	5745
VER.KE.x.9063	5740
VER.KE.x.AGM155	5745
VER.KE.x.1101 patent	5740
COL.CM.x.CGU1	5280

Vpr start		Vpx end	
H1B.FR.83.HXB2	ATGGAAACAGCC	CCAGAACCCAAGGCCACAGGGGACACAATGAATGGACACTAGAGCTTTAGAGG	5633
Vif	W N K P	P E D Q G P Q R E P H N E W T L E L L E E	
Vpr	M E Q A	G G A T G - A - T - G - T - A - G - T - T - A -	5079
H1A.UG.85.U455	-	- G - G - A - T - T - G - T - A -	5025
H1C.ET.86.ETH220	-	- G - G - A - T - T - G - T - A -	5155
H1D.CD.84.84ZR085	-	- G - G - A - T - T - G - T - A -	5153
H1F1.BE.93.1859	-	- G - G - A - T - T - G - T - A -	4980
H1G.SE.93.SE6165	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	4947
H1H.SE.93.90.05	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	4829
H1J.SE.93.SE7887	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5688
H1K.CM.96.MP535	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5662
O.BE.1987.ANT70	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5123
O.CM.-BCF06	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5118
O.CM.1991.MVP5180	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5126
O.CM.1996.96CMCA102	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5120
O.CM.1998.98CMABB141	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5118
O.CM.1998.98CMABB197	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5137
O.CM.1998.98CMU2901	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5138
O.CM.1998.98CMU5337	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5198
O.CM.1998.98CMU4122	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5199
O.FR.1992.VAU	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5116
O.US.1999.99USTWLA	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5689
O.US.1999.2478B	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5225
N.CM.1997.YBF106	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5094
N.CM.2006.06CM-U14842	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5140
N.CM.2002.D108131	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5139
N.CM.2002.02CM-SJgdd	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5123
N.CM.2004.04CM-1015-04	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5138
N.CM.2004.04CM-1131-03	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5137
N.CM.2006.06CM-U14296	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5136
H1N.CM.95.YBF30	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5227
H1P.FR.06.RBF168	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5227
H1P.CM.06.U14788	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5090
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5216
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5179
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5175
CPZ.CM.05.SIVcpzE595	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5205
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5188
CPZ.CM.-SIVcpzMB897	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5199
CPZ.CM.-SIVcpzDP943	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5219
CPZ.CM.98.CAM5	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5335
CPZ.GA.88.GAB1	-ATA-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5697
CPZ.GA.88.GAB2	-A-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5026
CPZ.US.85.CPZUS	-TG-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5693
CPZ.TZ.2001.TAZ12	-A-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5300
CPZ.TZ.2001.TAZ13	-A-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5300
GOR.CM.2007.SIVgor2139.287	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5170
GOR.CM.2007.SIVgorCP2135con	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5169
GOR.CM.2004.SIVgorCP684con	-	- G - G - A - T - C - G - T - A -	5089
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081	TTCCGGGGATGCAGTAG	G G - TG - C - T - A - ATG - CT - CACCG - TAT -	5245
RCM.CM.SIVVagi-00CM312	TTCCGGGGATGCAGTAG	G G - TG - C - T - A - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	5227
RCM.GA.x.GAB1	TACCGGGATG - TAA	TGATGCCCTCTTACAGAGATGGAGCTGCC - T - G - TG - C - T - A - TT - C - G - G - T - AA - A -	5424
RCM.NG.x.NG411	TTCCGGGGATG - TAA	TCAAGCACTCTCTCATTGAGAGATGGAGATGCTC - G - TG - AA - A - C - TT - CG - CT - A - G - TACCC - TATA -	5459
H2A.DE.x.BEN	CTTCAGGTCTAGTCTA	ACTGAACACCAACAGAGTTTCCC - TGGAAC - G - CTT - GGG - G - C - GT - A - AAC - C - GAG - A -	6328
H2B.CI.x.EHO	CCCAAGGTCTAGGCTA	GCAGTCCTAGAGATCTCT - G - TA - AAC - A - A - GTGGG - AC - G - GT - G - CG - CC - G - A -	6299
H2G.CI.92.ABT96	CTTCAGGTCTAGCATAG	GAATCCCC - TG - G - CC - C - A - ATACCT - G - G - CC - A - A - A - TGGG - C - G - GTGAG - AA - AC - G -	5644
H2U.FR.96.12034	CACCAAGTTGGCTCA	GCT - G - TG - GACCAAC - CA - A - T - TG - G - AG - TG - A -	5788
SMM.SL.92.SL92B	CACCAAGTTGGCTCA	GCT - G - TG - G - AG - T - AG - A - TG - G - AG - TG - A -	5661
Vpx end		Vpr start	
MAC.US.x.239	CTCCAGACTAGCATAA	...AGACCT - A - TG - A - A - A - TGGG - GT - G - G - C - G - A -	6228
Vpx	-G-		
Vpr			
STM.US.x.STM	M E E	R P P E N E G P Q R E P W D E W V V E V L E E	
MNE.US.x.MNE027	P_P_G_L_A_*	ACACACAGACCT - G - TG - C - T - A - A - TG - G - G - C - G -	5876
DEB.CM.SIVdebCP13MF3061	-	GAAAGAAAGACCT - TG - C - A - A - TG - G - G - C - G -	5696
DEB.CM.99.CM5	-	- AGGC - ACCGCCCTCACACCCA - T - AGCC - TAGTCAGG - TAGTCAGG - TTGCTCAAGG - TAGTCAGG - TTGCTCAAGG -	5598
DEN.CD.x.CD1	-	- C - TT - AC - CACCTTCAGTACAGCA - GCT - GACT - A - AGCCA - GC -	5411
LST.CD.88.447	-TCACAG-AAGG-	- C - TCCAG - A - AAGG - T - GG - C - C - T - A - AA - CACTC - AAGGCA - CT - AG - AGCAG - TG -	5540
LST.CD.88.485	-TCACAG-AAGG-	- TCCAG - A - AAGG - T - GG - C - C - T - A - AA - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	54879
LST.CD.88.524	-TCACAG-AAAGA-	- TCCAG - A - AAAGA - T - GG - C - C - T - A - AA - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	54879
LST.KE.x.h07	-CCAGC-	- TCCAG - A - AAAGA - T - GG - C - C - T - A - AA - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	54876
SUN.GA.98.14	-C-G-	- TCCAG - A - AAAGA - T - GG - C - C - T - A - AA - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	54876
MME.GA.x.MNDGB1	-	- TCCAG - A - AAAGA - T - GG - C - C - T - A - AA - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	54876
OLC.CI.97.97CI12	-	- TCCAG - A - AAAGA - T - GG - C - C - T - A - AA - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	54876
WRC.CI.97.97CI14	-	- TCCAG - A - AAAGA - T - GG - C - C - T - A - AA - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	54876
WRC.CI.98.98CI04	-	- TCCAG - A - AAAGA - T - GG - C - C - T - A - AA - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	54896
WRC.GM.95.Pbt.05GM_X02	-	- TCCAG - A - AAAGA - T - GG - C - C - T - A - AA - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	54816
MND-2.CM.GA.CM16	CTTCAGGGATGGCTAA	- C - G - G - CC - T - A - A - A - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	54098
MND-2.CM.x.M14	CTTCAGGGATGGCTAA	- C - G - G - CC - T - A - A - A - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	54835
MND-2.CM.x.M540	CTTCAGGGATGGCTAA	- C - G - G - CC - T - A - A - A - T - TG - A - CTTT - CACCG - TAT -	5473
DRL.x.x.FAO	CTCTCTCTCA . . TGA	- G - TG - G - TT - A - A - G - CA - A - CT - TG - G - CT - G -	5527
MON.CM.99.L1	TT	TTGGTCTTAATAATTGTCCTACAGATGGAACAGCC - T - G - TG - C - T - A - GA - A - TG - GTAC - TAC -	5434
GSN.CM.99.CN166	-AG-AT-CCACCACTGATCCT	- CCCAT - G - GAC - GGGCCCT - AG - CCGCCCA - TTG -	5426
GSN.CM.99.CN71	-AG-A-CCACCAAGTCACCT	- TCGCTTGG - TCA - C - G - AG - CTC - CCA - AG - TG - CTATG - T - A - CGC - C - GTG -	5408
TAL.CM.99.266	-AGGTG-	- TCGCTTGG - TCA - C - G - AG - CTC - CCA - AG - TG - CTATG - T - A - CGC - C - GTG -	5407
TAL.CM.99.8023	-AGGTG-	- CCACCCAGTCATCT - T - CGGG - GACCTCCAG - T - CGGG - GACCTCCAG - T - CGGG - GACCTCCAG -	5105
MUS-1.CM.99.1085	-AGCTTGGCCCCCACCA	- G - GCCCTGG - CTCCAG - GT - GTCCCAA - CAG - GGGCCA - G - A - AGCC - GTC -	5382
MUS-1.CM.99.1239	-	- TGG - T - A - T - GT - A - C - CCAA - ACT - TG - TTCA - G - G - A - CCGCCC - GTG -	5489
MUS-2.CM.01.CM1246	-	- TGG - T - A - T - GT - A - C - CCAA - ACT - TG - TTCA - G - G - A - CCGCCC - GTG -	5442
MUS-2.CM.01.CM2500	-	- TGG - T - A - T - GT - A - C - CCAA - ACT - TG - TTCA - G - G - A - CCGCCC - GTG -	5442
SYK.KE.x.KE51	-G-C-G-TTTC	- TTGCAAGTTCAGGGGAAAGAGAA - T - TTTCAGATGG - G - G - GTGAACT - A - TG - CACT - CAAAGC -	5478
SYK.KE.x.SYK173	-CGG-G-TTTC	- TCTTCAGGAGATCAGGGAAAGAGAA - T - TTTCAGATGG - G - G - GTGAACT - A - TG - CACT - CAAAGC -	5817
GRV.ET.x.GRI.677	-C-TC-GAAGAGATCAGGGAAAGAGAA	- CTCCTTCAGGAGATCAGGGAAAGAGAA - T - TTTCAGATGG - G - G - GTGAACT - A - TG - CACT - CAAAGC -	5787
SAB.SN.x.SAB1C	-CCTC-GAGGGTGGCTCCACCACTAGAGGGGATCTCCCAAGGATCCCCAACGATCCAGAGAGAGATACCGGGATGTTT	- TGG - C - C - AT - TG - AT - T - G - C -	6060
TAN.UG.x.TAN1	-CCTC-GAGGGTGGCTCCACCACTAGAGGGGATCTCCCAAGGATCCCCAACGATCCAGAGAGAGATACCGGGATGTTT	- ATGGG - C - ATT - AG - C - GG - CA - A -	5843
VER.DE.x.AGM3	-CCTC-GAGAGA-	- GATCCAGGAGAGAGAGACGGGGAGAGAGAT - ATTAGG - ATTGAGC -	5348
VER.KE.x.9063	-CCTC-GAGAGA-	- GTGGG - C - CT - AG - C - GG - CA - A -	5850
VER.KE.x.AGM155	-CCTC-GAGAGA-	- GATCCAGGAGAGAGAGACGGGGAGAGAGAT - ATTGGG - AT - T - AGC -	5845
VER.KE.x.TY01_patent	-CCTC-GAGAGA-	- GTGGG - C - CT - AG - C - GG - CA - A -	5850
COL.CM.x.CGU1	-AG-GTCCTG-	- A - AGGGACTTCAC - TTG - AG - C - AGG -	5330

## frameshift insert in HXB2

## Alignments

MAC. US. x. 239	- G - A - G - T - A - A -	- G - CCTCCG - T - - AAC - CAC - T - TA - T -	- A - T - GAC - A - C -	- CCTT - AG - CA - G - AAC - C - T - C - C - G -	- 6371
Vpr	L - K - E - E - A - L - K - H - F - D - P - R - L - L - T - A - L - G - N - H - I - Y - N - R - H - G - D -	M - E - T -	T - L - E - G - A - G - E - L - I - R - I - L - Q - R - A - L - F - M - H - F - R -		
Tat exon 1	A - A - AC - A - - CC - GC - G -	- GA - CCTCCG - T - - AAC - CGC - T - TA - CT -	- T - GAC - - A - C -	P - L - R - E - Q - E - N - S - I - S - S - N - R - S - C - I - S -	
STM. US. X. STM	- G - AG - A - - T - A - C -	- GA - CCTCCG - T - - AAC - CGC - T - TA - TT -	- T - GAC - - A - C -	CCTT - A - - C - G - A - G - C - T - AG - C - C - G - GCC - C - C - G - C -	6019
MNE. US. X. MNE027	G - A - CG - A - - CA - G - A - C -	- AA - A - GAGCAT - AAT - - G - CT - A - T - TGTTGA - GTTACCA - CA -	- CTC - - AAT - A - TAC -	CCTT - AG - C - G - A - AAC - C - T - A - C - C - GGG - C - C - G - C -	5839
DEB. CM. V1Dve04CMF3061	- A - CG - G - - T - A - C -	- CA - A - AGAGAA - T - ATGG - AG - CT - A - T - CTGTGT - CCT - CC -	- AG - ATT - A - TAT -	AG - AGG - C - GA - A - A - T - GGC - A - C - G - GGC - A - C - G -	5765
DEB. CM. 99. CMS	A - C - CAG - G - - G - AAGA - A - C -	- CAGC - AGAGAA - A - AC - - AA - T - G - T - CT - GGTC - TTACCA - C - CCC -	- CAT - ATT - C -	AG - AG - A - T - TGGC - T - C - G - C -	5578
DEN. CD. X. CD1	A - A - AG - G - - G - CAGAC - C -	- AGAA - CAATT - GGGCCAA - CTGCA - T - CTGTGT -	- CA -	GA - GAAA - G - AG - AG -	5707
LST. CD. 88. 447	A - A - G - G - - G - CAGAC - C -	- AGAA - CAATT - GGGCCAA - CTGCA - T - CTGTGT -	- AGCAGTACCGGGTCAAGAGGA - AA -	CTTGATGAAAT - C - T - CC - AG - AA - TAG - GCA - C - T - TT -	5019
LST. CD. 88. 485	A - A - G - G - - G - CAGAC - C -	- AGAAAGCTT - GGGCCAA - CTGCA - T - CTGTGT -	- AGCAGTACCGGGTCAAGAGGA - AA -	CTTGATGAAAT - C - T - CC - AG - AA - TAG - GCA - C - T - TT -	5019
LST. CD. 88. 524	A - C - A - G - G - - G - CAGAC - C -	- AGAAAGCTT - GGGCCAA - CTGCA - T - CTGTGT -	- AGCAGTACCGGGTCAAGAGGA - AA -	CTTGATGAAAT - C - T - CC - AG - AA - TAG - GCA - C - T - TT -	5016
LST. KE. X. lhot7	A - A - AG - G - - G - CAGAC - C -	- AGAAAG - AAT - T - GGGCCAA - CTGCA - T - CTGTGT -	- T -	CTTGATGAAAT - C - C - CC -	6103
SUN. GA. 98. L14	A - C - G - A - G - - G - CAGAC - C -	- AGCA - G - - G - CAGAC - C -	- AGCA - G - - G - CAGAC - C -	CTTGATGAAAT - C - C - CC -	6103
MND. CI. 97. 7512	A - A - AG - G - - G - CAGAC - C -	- AGCA - G - - G - CAGAC - C -	- AGCA - G - - G - CAGAC - C -	CTTGATGAAAT - C - C - CC -	6103
MRC. CI. 97. 75114	A - - TTGTA - - AAAAG - C -	- GAG - TAT - GTTC - AG - TT - T - TTGTGTG -	- AGACA - G - - G - CAGAC - C -	CTTGATGAAAT - C - C - CC -	6103
WRC. CI. 98. 08104	- CTTGCAAT - - AAAAG - C -	- CAA - GAGCT - - GTATA - AG -	- AGACA - G - - G - CAGAC - C -	CTTGATGAAAT - C - C - CC -	6103
WRC. GM. 05. PBT. 05GM_X02	- CTTGCAAT - - AAAAG - C -	- CAA - GAGCT - - GTATA - AG -	- AGACA - G - - G - CAGAC - C -	CTTGATGAAAT - C - C - CC -	6103
MND. 2. CM. 98. CM16	G - C - AG - A - - T - A - G -	- GA - AGCG - TAT - C - CAG -	- AAGCTGG - CA - C -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5583
MND. 2. GA. X. M14	A - C - AG - A - - T - G - AG -	- GA - CGC - TAT - C - CAG -	- AAGCTGG - T - T - A - C -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5027
MND. 2. X. X. 5440	A - AC - AG - G - - T - A - G -	- CGA - CCG - T - A - C - AG -	- CTC - TGGG - G -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5583
DRL. X. C. X. FAO	A - AC - AG - G - - T - G - AG -	- CGC - TAT - G - ATATG -	- T - TCT - TG - CGC -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5027
MON. CM. 99. L1	A - C - CG - A - - CC - A - C -	- CT - A - GAGAA - G - A - TT -	- G - GG - AG - G - GCTCC - CT -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5027
GSN. CM. 99. CN166	A - A - CG - G - - G - A - AG - C -	- CT - A - GAGCA - G - A - AA - TT -	- G - GG - AG - G - GCTCC - CT -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5027
GSN. CM. 99. CN71	A - A - CG - A - - G - AA - A - C -	- CT - A - GAGAA - G - A - AA - TT -	- G - GG - AG - G - GCTCC - CT -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5027
TAL. CM. 00. 266	G - CGAG - C - - ATGC - T - C -	- CA - A - AGAGCA - G - AT - AG - CT - A -	- T - TTGTGA - - TTGTCGA -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5574
TAL. CM. 01. 8023	G - A - G - C - - ATGC - T - C -	- CA - A - AGAGAA - G - AT - AG - TT -	- T - TTGTGA - - TTGTCGA -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5574
MUS. 1. CM. 01. 1085	G - C - CG - A - - G - AA - A - C -	- T - C - AGAGAA - G - AA - TT -	- T - TTGTGA - - TTGTCGA -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5574
MUS. 1. CM. 01. CM1239	G - A - CG - A - - G - AA - A - C -	- T - C - AGAGAA - G - AA - TT -	- T - TTGTGA - - TTGTCGA -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5574
MUS. 2. CM. 01. CM1246	- - A - CG - A - - G - AA - A - C -	- C - T - C - AGAGAA - G - AA - TT -	- T - TTGTGA - - TTGTCGA -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5574
MUS. 2. CM. 01. CM2500	- - A - CG - A - - G - AA - A - C -	- C - T - C - AGAGAA - G - AA - TT -	- T - TTGTGA - - TTGTCGA -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5574
SYK. KE. X. KE51	G - AGGCC - A - - ATGC - AG -	- A - AGC - AGAGAA - ATT - AG - TT -	- A - T - ATG - TA - TTGTG -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5549
SYK. KE. X. SYK173	G - AGT - C - - ATCC - AG -	- A - CCTCAAGAAAG - ATT - AG - TT -	- A - T - ATC - TAA - CGAAC - G - GAGACT -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5539
GRV. ET. X. GR1. 677	- - A - CG - A - - CAGA - G - C -	- GGA - T - ACAT - - AATC - AG -	- A - T - TGTGIA - - GAGAGGA - AGA -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5645
SAB. SN. X. SABIC	- C - TTCA - G - CAGAT - C - C -	- C - A - - A - CTC - - TTTCG - T -	- TGGG - - TGIG -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5645
TAN. UX. G. X. TAN	- C - TC - G - - CAGAT - C - C -	- GGG - - AGAGGA - - ATTCAG -	- T - CTTCGTG -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5645
VER. DE. X. AGM3	A - C - C - G - - CAGAT - C - C -	- GGGC - CGACGT - - GTTCAG -	- G - GGGAGA - AACGG -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5605
VER. KE. X. 9963	A - C - C - G - - CAGAT - C - C -	- CAAATG -	- AATGGATTC -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	5605
VER. KE. X. AGM155	A - C - C - G - - CAGAT - C - C -	- GGGC - AGAACCT - - AT - CCAA -	- T - AT - TTGTG -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	6000
VER. KE. X. TY01 patent	- C - C - G - - GAGGCTG -	- GGG - AGAGCT - - GTTCAG -	- T - A - CT - CTGTG -	AG - AGG - C - G - C - C - C -	6005
COL. CM. X. CGU1	A - A - CCGG - G - C -	- C - TT - C - CACA - - TCA - TGA -	- T - TGGGG - TGTCAG - AG - GGC - CT -	AG - G - C - G - CT - CTGTG -	5476

PLV Complete Genomes

## Alignments



# PLV Complete Genomes

# Alignments

PLV Complete Genomes  
Genomes

	Tat Rev exon 1 end	intron start	GTA	.GTACATGTA.....	6061
H1B.FR.83.HXB2	AAC.....AGTCAGACTCATCACGCTCTCTATAAAGCA.....GTAA.				
Tat exon 1	-N.....S.....O.....V.....R.....L.....I.....K.....Y.....Q.....S.....				
Rev exon 1	-T.....G.....C.....A.....G.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
H1A.UG.85.U455	AGC.....A.....G.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
H1C.ET.86.ETH220	AGC.....A.....G.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
H1D.CD.84.84ZR085	AGC.....A.....G.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
H1F1.BE.93.1859	AGC.....A.....G.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
H1G.SE.93.SE6165	AGC.....A.....G.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
H1H.SE.93.9059	AGC.....A.....G.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
H1J.SE.93.SE7887	GGC.....A.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
H1K.CM.96.MP535	AAC.....G.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
0.BE.1987.ANT70	AGCCA.....CAGA.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
0.CM..BCF06	AGCTA.....CAGA.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
0.CM.1991.MVP5180	AGCTA.....CAGA.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
0.CM.1996.96CM102	AGCTA.....CAGA.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
0.CM.1998.98CMABB141	GGCCA.....TC.....GA.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
0.CM.1998.98CMABB197	AGCC.....C.....GA.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
0.CM.1998.98CMU2901	AGC.....A.....GAGA.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
0.CM.1998.98CMU5337	CGCTA.....M.....GA.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
0.CM.1998.98CMU4122	CGCTA.....C.....GA.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
0.FR.1992.VAU	CGCTA.....C.....GA.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
0.US.1999.99USTWLA	CGGCA.....ACAGA.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
0.US.1.2478B	AGCC.....C.....GA.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
N.CM.1997.YBF106	AGC.....A.....GAGA.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
N.CM.2006.06CM-U14842	AGC.....A.....G.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
N.CM.2002.D100131	AGC.....A.....G.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
N.CM.2002.02CM.SJgddd	AGC.....A.....G.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
N.CM.2004.04CM.1015-04	AGC.....A.....G.....A.....AA.....CT.....G.....C.....				
N.CM.2004.04CM.1131-03	AGC.....A.....A.....T.....AA.....CT.....A.....C.....				
N.CM.2006.06CM-U14296	AGC.....A.....A.....T.....AA.....CT.....A.....C.....				
H1N.CM.95.YBF30	AGC.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
HIP.FR.06.RBF168	AAC.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
HIP.CM.06.U14788	AAC.....A.....A.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.CM.01.SIVcpzCAM13	AGC.....G.....A.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.CM.05.SIVcpzMB66	-G.....A.....A.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.CM.05.SIVcpzMT145	-T.....A.....A.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.CM.05.SIVcpzE595	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.CM.05.SIVcpzLB7	-G.....A.....A.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.CM.-.SIVcpzMB897	-G.....A.....A.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.CM.-.SIVcpzDP943	-G.....A.....A.....A.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.CM.98.CAM5	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.GA.88.GAB1	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.GA.88.GAB2	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.US.85.CPZUS	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.TZ.2001.TAZ12	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
Cpz.TZ.2001.TAZ13	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
GOR.CM.2007.SIVgor2139.287	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
GOR.CM.2007.SIVgorCP2135con	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
GOR.CM.2004.SIVgorCP684con	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081	C.G.....G.....G.....G.....GT.....G.....TCACT.....T.....G.....T.....CAG.....G.....A.....				
RCM.CM.SIVvag1-00CM312	GCT.....G.....G.....G.....GT.....G.....TCACT.....T.....G.....T.....CAG.....G.....A.....				
RCM.GA.x.GAB1	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
RCM.NG.x.NG411	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
H2A.DE.x.BEN	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
H2B.CT.x.EHO	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
H2G.CT.92.ABT96	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
H2U.FR.96.12034	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
SMM.SL.92.SL92B	-G.....A.....A.....G.....AA.....CT.....A.....C.....				
	Tat Rev exon 1 end	Tat Rev intron start			6603
MAC.US.x.239	GC.....A.....G.....A.....AA.....CT.....T.....G.....C.....A.....				
Tat exon 1	-A.....K.....A.....N.....T.....S.....S.....A.....S.....N.....K.....				
Rev exon 1	-L.....R.....L.....T.....H.....L.....L.....H.....Q.....T.....				
STM.US.x.STM	-.....T.....-.....C.....AT.....G.....C.....-.....CA.....				
MNE.US.x.MNE027	GT.....A.....G.....A.....AA.....CT.....A.....C.....G.....				
DEB.CM.SIVdeb64CMPF3061	GT.....A.....G.....A.....AA.....CT.....A.....C.....G.....				
DEB.CM.99.CM5	GCGAATGA.....G.....A.....AA.....CT.....A.....C.....G.....				
DEN.CD.x.CD1	CAAAGGC.....AC.....C.....G.....-.....AG.....A.....G.....				
LST.CD.88.447	.....GAAG.....A.....GCAAGA.....CTGTGG.....CGG.....				
LST.CD.88.485	.....GAAG.....A.....GCAAGA.....CTGTGG.....CGG.....				
LST.CD.88.524	.....GAAAC.....G.....GCAAGA.....CTGTGG.....CGG.....				
LST.KE.x.lhot	.....GAGAC.....G.....GAGGA.....CTGTGG.....CGA.....				
SUN.GA.98.14	.....AGG.....A.....GCAAGAGGT.....CTGTGG.....CGA.....				
MND.GA.x.MNDGB1	.....TA.....CTGG.....AG.....G.....GAGGAAGCT.....CTGTGG.....CGA.....				
OLC.CI.97.97CI12	.....T.....G.....-.....CAAGA.....CTGTGG.....CGA.....				
WRC.CI.97.97CI14	.....GCTG.....TCAAG.....G.....GCTA.....-.....CAAG.....				
WRC.CI.98.98CI04	.....GCT.....-.....CAAG.....G.....GCTA.....-.....CAAG.....				
WRC.GM.05.Pbt.05GM_X02	.....GCT.....-.....CAAG.....G.....GCTA.....-.....CAAG.....				
MND-2.CM.98.CM16	GAAAAAA.....TATCAGAAAG.....AGT.....AG.....G.....CTGTGGAAAG.....				
MND-2.GA.x.M14	GGAAAAAA.....TATCAGAAAG.....AGT.....AG.....G.....CTGTGGAAAG.....				
MND-2.x.x.5440	GAGAAAAGTA.....CA.....GCA.....AGTCAGAG.....AGCT.....TGGAAG.....				
DRL.x.x.FAO	TCAAGAGTATCTGAGAC.....GGCT.....AGC.....GCA.....-.....G.....				
MON.CM.99.L1	GGCT.....AGC.....GCA.....G.....GC.....AGGTC.....-.....G.....				
GSN.CM.99.CN166	GACCT.....GATCCTAGGTGTC.....T.....A.....-.....AC.....G.....AGGTC.....-.....G.....				
GSN.CM.99.CN71	GACCT.....GATCCTAGGTGTC.....C.....A.....-.....ACC.....A.....CA.....TC.....-.....G.....				
TAL.CM.98.266	-CTCTT.....AGCAGCA.....-.....GAGG.....A.....G.....C.....G.....				
TAL.CM.01.8023	-CTCTT.....AGCAGCA.....-.....GAGG.....A.....G.....A.....G.....				
MUS-1.CM.98.1085	.....CTG.....C.....A.....G.....A.....G.....A.....G.....-.....CA.....TCA.....				
MUS-1.CM.01.CM1239	.....CTG.....C.....A.....G.....A.....G.....A.....G.....-.....CA.....TCA.....				
MUS-2.CM.01.CM2500	.....CTG.....C.....A.....G.....A.....G.....A.....G.....-.....CA.....TCA.....				
SYK.CE.x.KE51	.....CTG.....C.....A.....G.....A.....G.....A.....G.....-.....CA.....TCA.....				
SYK.CE.x.SYK173	.....GAGG.....CT.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....-.....CA.....TCA.....				
GRV.ET.x.GRI.677	.....T.....G.....GG.....T.....A.....AGCC.....C.....T.....C.....G.....				
SAB.SN.x.SAB1C	.....GA.....A.....-.....ACC.....A.....CA.....GGC.....-.....C.....G.....				
TAN.UG.x.TAN1	.....ATT.....G.....A.....TCAAGT.....TCTCT.....C.....CA.....C.....G.....				
VER.DE.x.AGM3	.....CT.....G.....GTC.....T.....GA.....CA.....A.....-.....G.....				
VER.KE.x.9063	.....C.....A.....-.....GCA.....A.....CAGG.....C.....-.....G.....				
VER.KE.x.AGM155	.....G.....G.....-.....GCA.....T.....G.....C.....G.....C.....-.....G.....				
VER.KE.x.TY01_patent	.....CT.....G.....TTG.....C.....T.....AGC.....C.....-.....CA.....				
COL.CM.x.CGU1			TA.....		5637

Vpu start (ACG in HXB2)		
H1B.FR.83.HXB2	.ACGCAACTT.....ATACCAATAGTAGCAATAGTAGCATTAAGTAGCAATAATAAGCAATTAGTTGTGGTCATAGTAATCATAGAAATAT	.AGGAAAATATAAGCAAAGAAAATAGCAGGTTAATTG 6191
Vpu	T Q P .....I P I V A I V A L V V A I T I A I V V W S I V I T E Y	R K I L R Q R K I D R L I
H1A1.UG.85.U455	-T-AC-----T-GGA---CTGG---AC-GGC-GA-----C-CT-----A-A-T-GGT-----AAA.	-AA-T-GC---AG-A-A-G-T-A-5642
H1C.ET.86.ETH2220	-T-T-C-A-----T-GT-GC-A-GG-C-C-A-C-C-G-C-A-T-T-GT-----T-TAT	C-T-G-C-AA-G-T-T-5712
H1D.CD.84.84ZR085	-T-T-GT-A-----T-GT-G-C-T-G-C-G-C-A-C-T-C-G-C-A-T-T-GT-----T-TAT	-A-C-GG-G-A-A-T-AA-TA-A-5540
H1F1.BE.93.V1850	-T-T-TATA-----T-G-C-T-G-AT-GG-CGCT-G-AC-TT-C-GCC..G-A-A-A-T-GT-----T-TAT	-G-G-AG-A-G-A-G-GA-A-C-5577
H1G.SE.93.56165	-T-T-TATA-----T-G-A-T-C-G-AT-GG-CGCT-G-AC-TT-C-GCC..G-A-A-A-T-GT-----T-TAT	-AA-T-GG-G-G-A-G-C-T-5534
H1H.SE.93.56165	-T-T-TATA-----T-G-A-T-C-G-AT-GG-CGCT-G-AC-TT-C-GCC..G-A-A-A-T-GT-----T-TAT	-A-C-GG-G-G-A-G-C-T-5513
H1K.CM.96.MP535	-T-TGTC-C-----T-G-TT-AT-G-C-TT-G-C-CT-T-GC-----A-A-A-A-T-TAT	-T-GG-A-A-A-G-A-T-A-5393
O.BE.1987.ANT70	-T-T-A-AGGGACCTTCG-G-A-A-ATT-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-ATG-G-T-T-TG-T-GA-A-T-T-TA	GAAC-AGGA-CA-G-C-A-A-GGAGA 6230
O.CM...BCF06	-T-T-A-AGGGACCTTCG-G-A-A-ATT-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-ATG-ATAAT-ACC-T-GA-ATT-T-TA	GA-C-G-AA-CA-GAT-GAA 6234
O.CM.1991.MVP5180	-T-TA-AGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-T-TT-ACC-T-GA-ATT-T-TA	GT-C-G-A-AA-CA-G-T-GAT-GAA 6210
O.CM.1996.96CM102	-T-TA-AGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-T-TT-TC-T-GAMA-T-T-TG	GA-C-G-AA-CA-GA-GA 5668
O.CM.1998.98CMAB141	-T-TA-AGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-ATA-ATG-TC-T-GA-A-T-T-TA	GAAC-T-GAA-CA-GA-GA 5669
O.CM.1998.98CMAB197	-T-TA-AGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TT-TC-T-GAMA-T-T-TG	GAA-G-GAA-CA-G-C-AGGAAA 5621
O.CM.1998.98CMU2901	-T-TA-AGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TG-TC-T-GACA-TGCG-TA	AGGAAA 5674
O.CM.1998.98CMU5337	-T-TA-AGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TG-TC-T-GACA-Y-IR	AAR-T-RGAA-CA-G-C-AGGAAA 5671
O.CM.1999.99CMU4122	-T-TA-AGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TG-TC-T-GACA-Y-IR	GAAC-T-GAA-CA-G-C-AGT-AAA 5663
FR.1992.11U	-T-TA-CAGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TG-TC-T-GAGCT-TA	GAAC-T-GAA-CA-G-C-AGA-GA 5753
O.US.1999.99USTWLA	-T-TA-CAGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TG-GC-T-AAG-TTGC-TA	GAAC-T-GAA-CA-G-C-AGA-GA 5754
O.US.1999.1-2478B	-T-TA-CAGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TT-TC-T-GA-A-T-T-TA	GAAC-T-GAA-CA-G-C-AGA-GA 6237
N.CM.1997.YBF106	-T-TA-CAGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TT-TC-T-GA-A-T-T-TA	GAAC-T-GAA-CA-G-C-AGA-GA 5772
N.CM.2006.06CM-U14842	-T-TA-CAGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TT-TC-T-GA-A-T-T-TA	GAAC-T-GAA-CA-G-C-AGA-GA 5688
N.CM.2002.DJ080131	-T-TA-CAGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TT-TC-T-GA-A-T-T-TA	GAAC-T-GAA-CA-G-C-AGA-GA 5687
N.CM.2002.02CM-S1Gddd	-T-TA-CAGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TT-TC-T-GA-A-T-T-TA	GAAC-T-GAA-CA-G-C-AGA-GA 5671
N.CM.2004.04CM-1015-04	-T-TA-CAGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TT-TC-T-GA-A-T-T-TA	GAAC-T-GAA-CA-G-C-AGA-GA 5686
N.CM.2004.04CM-1131-03	-T-TA-CAGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TT-TC-T-GA-A-T-T-TA	GAAC-T-GAA-CA-G-C-AGA-GA 5685
N.CM.2006.06CM-U14296	-T-TA-CAGGGACCTTCG-G-C-T-A-T-T-AGTGCCT-G-CGTC-T-AT-T-C-TA-ATG-AT-TT-TC-T-GA-A-T-T-TA	GAAC-T-GAA-CA-G-C-AGA-GA 5683
H1N.CM.95.YBF30	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	A-A-TT-GG-GA-A-ACACA-GAC 5775
HIP.FR.06.RBF168	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	A-A-TT-GG-GA-A-ACACA-GAC 5776
HIP.FR.06.U14788	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	A-A-TT-GG-GA-A-ACACA-GAC 5686
CPZ.CD.98.ANT	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	A-A-TT-GG-GA-A-ACACA-GAC 5644
CPZ.CM.05.SIVcpzCAM13	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5722
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5723
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5724
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5725
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5726
CPZ.CM.-SIVcpzMB897	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5727
CPZ.CM.-SIVcpzDP943	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5728
CPZ.CM.98.CAMS	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5729
CPZ.GA.88.GAB1	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5907
CPZ.GA.88.GAB2	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5908
CPZ.US.85.CPZUS	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5602
CPZ.TZ.2001.TAN2	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-6280
CPZ.TZ.2002.TAN3 1	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5858
GOR.CM.2004.01CM02129 287	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5747
GOR.CM.2004.01CM02135con	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5746
GOR.CM.2004.SIVcpzP684con	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5686
RCM.CM.SIVcrm-02CM8081	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-5766
RCM.CM.SIVvag-00CM312	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-6068
RCM.GA.x.GAB1	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-6069
RCM.GA.x.NG411	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-6070
H2A.DE.x.BEN	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-6071
H2B.CI.x.EHO	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-6072
H2G.CI.92.ABT96	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-6073
H2U.FR.96.12034	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-6074
SMM.SL.92.SL92B	-T-T-TG-----T-G-C-T-C-G-C-G-A-C-G-AT-C-T-TAT-G	AAGCAGCACAAAGATAG-T-TAGG-AT-T-TG-A-G-AT-G-ACC-TG-T-6075
MAC.US.x.239		6603
STM.US.x.STM		6245
MNE.US.x.MNE027		6071
DEB.CM.SIVdeb44CMPF3061		6109
DEB.CM.99.CMS		5927
DEN.CD.x.CD1	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5927
LST.CD.88.447	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5287
LST.CD.88.485	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5287
LST.CD.88.524	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5284
LST.CE.x.loh7	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6368
SUN.GA.98.114	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6416
MND-2.GA.x.XNDGB1	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5736
OLC.CI.92.97C112	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5741
WRC.CI.92.97C114	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5893
WRC.CI.98.98C104	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6304
WRC.GM.05.Pbt.05GM_X02	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6224
MND-2.CM.98.CM16	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6293
MND-2.GA.x.M14	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6220
MND-2.x.x.M440	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5858
DRL.x.x.FAO	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5918
MON.CM.99.L1	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6118
GSN.CM.99.CN166	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6101
GSN.CM.99.CN71	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6086
TAL.CM.00.266	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6019
TAL.CM.01.8023	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5534
MUS-1.CM.01.9885	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6201
MUS-2.CM.01.CM1239	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6477
MUS-2.CM.01.CM1246	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6266
MUS-2.CM.01.CM2500	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5777
SYK.KE.x.KE51	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6279
SYK.KE.x.SYK173	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6274
GRV.ET.x.GRI.677	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6277
SAB.SN.x.SABIC	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5637
TAN.UG.x.TAN1	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6201
VER.DE.x.AGM3	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6477
VER.KE.x.9063	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6266
VER.KE.x.AGM155	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	5777
VER.KE.x.TY01 patent	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6279
COL.CM.x.CGU1	-T-TTAAG.....ATC-AGT--G-C-C-A--A-TAGG-TTGCT-G-T-T-TCA-----TGTATT-CCTGG--AGC--CCATAGGT.....GTAGGGTATCTTGCTTAT-G-GCC-AT-A-AGTTAT-G-GA--GCTTAGGTA-A	6274

PLV Complete Genomes

## Alignments

H1B_FR.83.HXB2	ATAGACATAAGAAAAGAGCAGAAGACAGTGGCA.....	.ATGAGAGTGAAG.....	.GAGAAATATCAGCACTTGTGGAGATGGGGCAGCATGCTCTTGGG.....	.ATGTTGATGATCTGTAGT 6311
Vpu	D_R_L_I_E_R_A_E_D_S_G .....	##N E S E	L_P_W .....	D_V_D_M_D_L_*
H1A1_UV_85_U4455	-C - A - G -	M R_V_K	E_K_Y_S_A_H_L_W_R_W_G_W_R_W .....	E_K_Y_S_A_H_L_W_R_W_G_W_R_W .....
H1C_ET_86_ETH220	-A - ACT - GG -	-	A - T -	A - T - A - T - G - .....
H1D_CD_84_84ZR085	-A - A - G -	-	A - T -	A - T - A - T - A - .....
H1F1_BE_93_VT1850	-A - A - G -	-	G -	G - GGTAA - AGGAAT - ATCC - CTI - .....
H1G_SE_93_SE6165	-A - A - G -	-	C -	G - GGTAA - AGGAAT - ATCC - CTI - .....
H1H_CF_99_056	-A - A - G -	-	G -	G - GGTAA - AGGAAT - TA CACTT - .....
H1J_SE_93_SE7887	-A - A - G -	-	GAG - CA .....	G - GGTAA - AGGAAT - ATCC - A - CTTA - .....
H1K_CM_96_MP535	-A - A - G -	-	GAG - CA .....	G - GGTAA - AGGAAT - CAGACCTT - G - .....
O.E. 1987.ANT70	-A - A - G -	-	G -	G - GGTAA - AGGAAT - CAGACCTT - G - AC - .....
O.CM_1987_BCF06	GAGA - A - .....	..CTT - AGAGGTTA - AA - A - TAAGAGAAATTAGGGATGAT - AGT - GACT - .....	-A - C - TA - GAG - .AAGAG - C - .....	-A - C - TA - GAG - .AAGAG - C - .....
O.CM_1987_M05188	GGGG - AGGA - AT - CTT - A - G - AGT - .....	..AA - AGTAAGGAAATCAAGGATGAC - AGT - GACT - .....	-C - A - T - GAG - .AAGAG - GC - .....	-C - A - T - GAG - .AAGAG - GC - .....
O.CM_1988_96CMAB102	GGGG - AGGA - AT - CTT - A - G - AGT - .....	..GA - TAAGAGAAATCAAGGATGAC - AGT - GACT - .....	-A - A - T - AAG - .AAGAG - C - .....	-A - A - T - AAG - .AAGAG - C - .....
O.CM_1988_98CMAB141	GGGG - AG - GA - AT - CTT - A - G - AGT - .....	..AA - TAAGAGAAATTAGGGATGAT - AGT - GACT - .....	-A - A - T - GAG - .AAGAG - C - .....	-A - A - T - GAG - .AAGAG - C - .....
O.CM_1988_98CMAB197	GGGG - AG - GA - AT - CTT - A - G - AGT - .....	..AA - TAARAGAAATTAGGGATGAT - AGT - GACT - .....	-A - C - TA - AAG - .AAGAG - C - .....	-A - C - TA - AAG - .AAGAG - C - .....
O.CM_1988_98CMU2901	GAGA - A - .....	..CTT - AGAGCTTA - AA - A - TAAGAGAAATTAGGGATGAT - AGT - GACT - .....	-A - C - TA - GAG - .AAGAG - C - .....	-A - C - TA - GAG - .AAGAG - C - .....
O.CM_1988_98CMU5337	GAGA - A - .....	..TT - ACAG - CTCA - AA - A - TAAGAGAAATTAGGGATGAT - AGT - GACT - .....	-A - C - TA - GAG - .AAGAG - C - .....	-A - C - TA - GAG - .AAGAG - C - .....
O.CM_1999_99CMU4122	GAGA - AG - GA - AT - CTT - A - G - AGT - .....	..AA - TAAGAGAAATTAGGGATGAT - AGT - GACT - .....	-A - C - TA - GAG - .AAGAG - C - .....	-A - C - TA - GAG - .AAGAG - C - .....
O.FR. 1992 VAU	GAGA - A - .....	..CTT - AG - ATA - AA - A - TAAGAGAAATTAGGGATGAT - AGC - GATT - .....	-A - C - TA - GGG - .AAGAG - C - .....	-A - C - TA - GGG - .AAGAG - C - .....
O.US. 1999_99USTWLA	GGGA - AG - GA - AT - CTT - ATAG - TTA - AA - A - TAAGGRARATCAGGATGAC - AGT - GATT - .....	..AA - TAAGAGAAATTAGGGATGAT - AGT - GACT - .....	-A - C - TA - GAGR - .GGA - .....	-A - C - TA - GAGR - .GGA - .....
O.US. - I_24788	GGGA - AG - GAGAT - CTT - A - G - AGT - .....	..AA - TAAGAGAAATTAGGGATGAT - AGT - GACT - .....	-A - C - TA - AAG - .AAGAG - C - .....	-A - C - TA - AAG - .AAGAG - C - .....
N.CM_1997_YBF106	-G - A - A - G - T - A - G - G -	..G -	-G -	-G - GGTAGC - GTTG - TG - CA - C - TC - .....
N.CM_2006_06CM_U14842	G - A - A - G - AGT - .....	-	-	-T - A - GGGAGCAGAGTGGG - GG - TA - T - GC - .....
N.CM_2002_DJ00131	-A - A - G - I - A - I -	-	-	-T - TGT - .....
N.CM_2002_04CM_SJGdd	G - A - A - G - C - G - T -	-	-	-CC - AC - AA - CTG - 5778
N.CM_2004_04CM_1015_04	G - G - G - G - C - T -	-	-	-T - G - .....
N.CM_2004_04CM_131_03	G - A - A - G - C - G - T -	-	-	-C - CT - AG - AA - C - .....
N.CM_2006_06CM_U14296	-	-	-	-T - A - C - A - G - GAT - G - 5776
H1N_CM_95_YBF30	-C - A - A - G - .....	-A - T -	-	-C - GGTAC - .....
H1P_FR_06_RBF168	GAGA - AGGCA - .....	-GAT - GG - GGT - TGAGA - .....	-A - T - GGTAC - .....	-A - T - GGTAC - .....
H1P_CM_06_U14788	GAGA - GGGCA - .....	-GAT - AG - GGT - TGAAA - T -	-A - T - GGTAC - .....	-A - T - GGTAC - .....
CPZ_CD_99_ANT	G - A - T - GTAT - DA - T - GAGT - C - ATAGAA - AAG - .....	-	-	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_CM_01_SIVcpzCAM13	TA - .....	-A -	-	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_CM_05_SIVcpzM66	CA - A - A - G - .....	-ATGAAAGCG -	-A - T - GGTAC - .....	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_CM_05_SIVcpZMT145	C - A - T - G - AGT - .....	-ATGAAAGTG -	-A - T - GGTAC - .....	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_CM_05_SIVcpZEK505	G - A - A - G - C - T -	-	-A - T - GGTAC - .....	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_CM_05_SIVcpZLB7	G - GA - .....	-GG -	-A - T - GGTAC - .....	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_CM_05_SIVcpzMB897	C - A - A - G - .....	-T -	-A - T - GGTAC - .....	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_CM_05_SIVcpzDP943	C - A - A - G - C - .....	-CAG - C - T -	-A - T - GGTAC - .....	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_GA_88_CAB2	A - A - G - C - .....	-CAG - C - T -	-A - T - GGTAC - .....	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_GA_88_CAB2	TA - T - T - C - .....	-A -	-	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_US_85_CPUZS	TA - A - A - C - C - .....	-A -	-	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_TZ_2001_TAN2	TA - A - C - G - AT - .....	-A -	-	-G - A - T - GGTAC - .....
CPZ_TZ_2002_TAN3	GC - T - GAC - GT - G - T - AT -	-	-	-G - A - T - GGTAC - .....
GOR_CM_2007_SIvgor2139_287	GG - .....	-AGCA - CTGAACTTATGGAAATTGGTA -	-	-G - A - T - GGTAC - .....
GOR_CM_2007_SIvgorCP2135con	GG - .....	-AGCA - CTGAACTTATGGAAATTGGTA -	-	-G - A - T - GGTAC - .....
GOR_CM_2004_SIvgorCP684con	AG - .....	-AGCA - CTGAACTTATGGAAATTGGTA -	-	-G - A - T - GGTAC - .....
RCM_CM_SIvcm_02CM8081	GA - T - TGGATAT - G - TTATA - GATA - .....	-A - ATATAGATAAGGACACA -	-	-G - A - T - GGTAC - .....
RCM_CM_SIvAg1_00CM312	-GTATAGTGA - A -	-	-AGTGCCTA -	-A - CTT - ATA - TGTTA - GTAGT - .....
RCM_GA_X_GAB1	G -	-	-AGTGCCTA -	-ATA - A - TAG - A - AA - C - .....
RCM_NG_X_NG411	T -	-	-GATAA - .....	-AGTGCCTA - .....
H2A_DE_97_BER10	-	-	-GCTAA - TTA -	-TTAGTA - I - GTATTA - TG - AGA - AA - .....
H2C_CI_92_AB796	-	-	-GAGCTT - G -	-A - A - T - GAGTTA - T - .....
H2U_FR_96_12634	-	-	-GCTATCTT -	-T - A - T - AATAGGA - .....
SMM_SL_92_SL92B	-	-	-GCCTGTCCT -	-T - A - ACATCT - .....
			-G - CCTCACCT -	-TT - A - GTGCTTA - 6084

MAC..US..x.239		M - G - TGTCCT	G - GAATCA - CT	G - CCATCTT - C - TT - A - GTGCTTA - 6657	
Env		M - G - C - L	G - N - O - L	L - I - A - I - L - L - S - V - Y	
STM..US..x..STM		--GCCCTGCCTC	-G - ATAACAT -	--TA - C - CCTATCT - C - AT - A - GTGCTC - T - C 6299	
MNE..US..x..MNE027		G - TGTCCT	-TA - C - CCATCT -	-TC - A - GTGCTCA - 6125	
DEB..CM..SIVde04CMPF3061		-CTT - CTTC	G - GAATCA - CT	A - AT - A - CCTTT - AG - A - T - - TAG - A 6151	
DEB..CM..99..CM5		-CTTAGCTTA	.TTA - AA - AA - CAAGTC - ACCCC - G - AG - GGCA 5975		
DEN..CD..x..CD1		-TCAAGCT	.AG - AGGACCCCTT	.AGGTCTT - CT - C - TA - - GT - - AG - A - TGAATAA - T - D 6232	
LST..CD..88..447		-ACTGCCCT	G - CTAATACCT	-CTT - ATC - T - A - AG - GAG - AACAG - G 5338	
LST..CD..88..485		-GACCTCTT	-AGL - CTCATCACTI	-CTT - CTT - CTCCT - I - AGGAGCACAA - G 5333	
LST..CD..88..524		-GC - TGTCCA	-GC - TAACATA - T	-AT - GC - CTCCTG - - GGAC - AACAGCA 5338	
LST..KE..x..LNU1		-GCTCTCA	G - TA - A -	GAAA - ATT - ATAGGT - - CTCTT - GCTGTTA - 6461	
SUN..GA..x..114		-GT - AGG	G - TCTTCTTCTT	C - AC - AT - CTTGC - A - G - T - ATACCTT - 5836	
MND..2..CM..GA..x..MNDGB1		-AGTCTCCA	-AA -	T - A - TACTAGGA - A - AGGAATAGC - 6326	
OLC..CI..97..97C112		-TTT - T - A	-CTTCAATA - GTA - T - - TAG - A 6343	A - T - ATTTCAG - AG - A - AGG - ATAG - A 5266	
WRC..CI..97..97C114		-CTTCGCTT	-ATACCTT	.T - ATATTAGGA - A - T - AATACAGCA - AG - A - ATAGT - A 5917	
WRC..CI..98..98C104		-ATACCTT	.T - TT - AGG - T - ATAGCT - AGGA - A - ATAGT - A 5966	C - TAGGT - ATAGCT - AGGA - A - ATAGT - A 5623	
WRC..GM..05..Pbt..05GM..X02		-TTAGAC - T	.T - TT - AGG - T - AT - CATT - AGGAT - TT - AG - A - T	.T - AATACAGCAA - AG - A - ATAGT - A 6273	
MND..2..CM..98..CM16		-GATAAACAGTAAGT	-GT - ATAGT - T	.T - AATACAGCAA - AG - A - ATAGT - A 5917	
MND..2..GA..x..M14		-CTTAG - T - C	.GT - ATAATAGTAAGT	C - TAGGT - ATAGCT - AGGA - A - ATAGT - A 5623	
MND..2..x..x..5440		-GTAGAC - T	.GT - TAAACAGTAAGT	.T - T - AGG - T - AT - CATT - AGGAT - TT - AG - A - T	.T - TT - AGG - T - AT - CATT - AGGAT - TT - AG - A - T 5966
DRL..x..x..FA0		-TTAGAC - T	.GT - TAAACAGTAAGT	.T - TT - AGG - T - AT - CATT - AGGAT - TT - AG - A - T 5966	
MON..CM..99..L1		-G - T - ATGAGAG - - GAG - C - T - - TCA - - GGTGACACAGAAATCTGAATCAGAGCA	.GAAACTC	-GCTT - GTCAACCC - - GTT - A - GT - GTC - 6223	
GSN..CM..99..CN166		-GAA - CA	GT - GA - CTAT - AT - - TGCTA - CAGT - GCT - A - G - CTTA - - GCTT - C - ATACCTCG - 6193		
GSN..CM..99..CN171		-TGAC - A	GT - GA - CTAT - AT - - TGCTA - CAGT - GCT - A - G - CTTA - - GCTT - C - ATACCTCG - 6193		
TAL..CM..80..CM1		-GTATATGTTAGGAGCA	GC - GTATTT	GC - GTATTT - AA - TGCTA - TAGGT - AACCTTGTGCT - CCGG - 6182	
TAL..CM..91..8923		-GTATACATGTTAGGACA	CA - CT - A - AGG -	CA - CT - A - AGG - - GCTT - GCTA - AGCT - AGCTT - AG - A - G - 6161	
MUS..1..CM..01..1085		-A - TACTT	CA - CT - A - AGG -	CA - CT - A - AGG - - GCTT - GCTA - AGCT - AGCTT - AG - A - G - 6152	
MUS..1..CM..01..CM1239		-A - TACTT	C - CT - TAAT - G - GAT -	C - CT - TAAT - G - GAT - - GCTT - GCTA - AGCT - AGCTT - AG - A - G - 6139	
MUS..2..CM..01..CM1246		-CCT - C - T	C - CT - TAAT - G - GAT -	C - CT - TAAT - G - GAT - - GCTT - GCTA - AGCT - AGCTT - AG - A - G - 6139	
MUS..2..CM..01..CM2500		-GC - T - T	CC - A - G - G - TT - CTTAACCC - C - TT - G -	CC - A - G - G - TT - CTTAACCC - C - TT - G - - GCTT - GCTA - AGCT - AGCTT - AG - A - G - 6215	
SYK..KE..x..KE57		-GCAC - A - C - TTTT	.ATATCATAA - T	.ATATCATAA - T - - G - AG - GT - A - TATAG - A - A - GT - AG - C - TA 5956	
SYK..KE..x..SYK173		-GTA..AAA - GC - C - TTTT	-ACTTACATA	-ACTTACATA - G - TTG - TCTTTT - GC - A - A - GT - TAG - A 6278	
GRV..ET..x..GRI..677		-G - GAGATT	CTTATTAATAA	CTTATTAATAA - C - AA - AA - CAATAGGA - A - - GTATA - 6252	
SAB..SN..x..SABC1		.AGT - AGC - TCTT	C - GCTAT - CTT	C - GCTAT - CTT - TGG - TAGTC - 6542	
TAN..UG..x..TAN1		-G - CCATTA	-GG - AAAAG -	.GGTAT - AG - AATTTGGGA - A - GCT - AATAG - A 6326	
VER..DE..x..AGM3		-AGC - --CA	TT - CT - ATAG -	T - A - A - ATTAATAGG - A - - GGAGTAGT - 5828	
VER..KE..x..9063		-A - CCTCTT	TT - G - TATAGT	C - TA - AGC - ATCATAGGAA - A - - GT - CCTTA - 6333	
VER..KE..x..AGM155		-C - AA - TTC	T - G - AATTT - T	-AG - AT - A - ATAGGA - A - - GGAAATAG - G - 6328	
VER..KE..x..TY01..patent		GT - - GTAT - CA	T - ATAACCA - TA	GGAA - AA - A - T - ATAGGA - A - - GGAGATA - 6330	
COL..CM..x..CGU1		-CTTAGAT - T	TC - TATAAAC	T - C - AG - AT - AG - TA 5679	



PLV Complete Genomes

## Alignments

```

CATATGTTAAATTAAACCCCTTGTC 6603
P   C   V   K   L   T   P   L   C
-G- -T- -T- -C- - 6048
-G- -G- - 6012
-G- - 5949
-GC- -T- - 6006
-GA- - 5943
-T- -G- - 5807
-T- -TC- -A- -G- -TTTC- -G- - 6651
-GC- -A- -G- -TTTC- -G- - 6651
-T- -AG- -C- -A- -TTTC- -G- - 6640
-T- -Y- -C- -A- -TTTC- -CA- - 6095
-T- -TC- -A- -G- -TTTC- -GA- - A 6099
-T- -TC- -A- -G- -TTTC- -G- - 6042
-T- -TC- -A- -G- -TTTC- -CA- - 6095
-T- -TC- -A- -G- -TTTC- -G- - 6092
-T- -TC- -A- -G- -TTTC- -G- - 6090
-T- -TC- -A- -G- -TTTC- -G- - 6090
-T- -GC- -A- -G- -TTTC- -T- -A- - 6091
-T- -TC- -A- -G- -TTTC- -G- - 6664
-C- -T- - 6160
-C- -T- - 6076
-C- -T- - 6075
-C- -TM- - 6074
-C- -T- - 6109
-C- -T- - 6060
-C- -T- - 6190
-T- -Y- - 6076
-T- -G- -AATY- -A- - 6089
-C- -A- -TA- -G- -A 6026
-GC- -T- -TT- -A- - 6181
-TT- -TT- -G- - 6185
-A- -CT- -A- - 6148
-C- -T- -G- - 6152
-A- -GC- - 6168
-T- -C- -G- -A- - 6114
-T- -C- -G- -A- -A- - 6181
-T- -C- -G- -A- -A- - 6307
-T- -G- -G- - 6667
-T- -G- -A- - 6008
-T- -A- -G- - 6674
-C- -A- - 6228
-C- -A- -T- -T- - 6228
-T- -C- - 6137
-T- -C- -AGTTA- -G- - 6137
-T- -C- -AGTTA- -G- - 6136
-T- -C- -AGTC- -A- - 6062
-T- -T- -GG- -T- -T- -A- - 6089
-T- -T- -G- -C- -T- -A- -A- - 6077
-T- -C- -G- -A- -T- -A- - 6283
-C- -GC- -A- -T- -A- - 7028
-T- -T- - 6993
-T- -T- -A- -T- -G- -CA 6341
-T- -G- -G- -A- -C- -T- - 6482
-T- -G- - 6355

```

V1-V2 loops start

H1B. FR. 83. HXB2	C.....ACAGACCCCAACCCACAAGA.....	GATGATLVTGGAAATGTGACAGAAAATTTCATGTTG.....	AAAATGACATGGTAGAACAGATGCTAGGATAATACTAGTTATGGCATAAAGCTTAAAGGCATGTGAAATTAAACCCACTCTGTG	6603
H1A1. UG_85_U4455	T.....T D P N P Q O E.....	A-A-T-C-G-A-.....	A-A-T-C-G-A-.....	6048
HIC ET_86_ETH2220	- - - - - G - - - - -	T-G-GT-A-A	G-G-C-C-A-C-T-	6012
HID_CD_84_842R085	- - - - - A - - - - -	A-A-C-A-AA-C	CA-G-C-A-T-	6124
HIF1_BE_93_V1859	- - - - - T-C-AA-A-A- - -	-T-TC-AA-A-A-G-T-	A-A-ACA-G-A-ACA	5949
HIG_SE_93_SE6165	- - - - - A - - - - -	A-A-TA-A-A-T-	A-A-G-A-G-A	6006
H1H_CF_90_056	- - - - - G - - - - -	A-G-CAG-A-G-GC-T-	G-G-ACA-C-G-ACA	5943
H1J_SE_93_SE7887	- - - - - G - - - - -	A-GAATC-C-C-A-C	C-G-A-ACA-G-G	5922
H1K_CM_96_MP535	- - - - - G - - - - -	--AGA-A-A-A-C	G-G-ACA-G-G	5802
O_0BE_1987_AN170	T.....CT-T-T-T-T-T	TATCC-CAC-T-G-C	A-A-G-C-T-T-C	6651
O_CM_-BCF001	T.....CT-T-T-T-T-T	TATCC-CAC-C-T-A	A-C-T-T-C	6666
O_CM_1998_98CMU5180	T.....CT-T-T-T-T-T	TATCC-CAC-AAA-T-GA	G-C-A-C-T-G	6040
O_CM_1998_96CMU120	T.....CT-T-T-T-T-T	TATCC-CAC-AG-T-A	T-G-C-A-C-T	6095
O_CM_1998_98CMAB141	T.....CT-T-T-T-T-T	TATCC-CAC-AG-A-T	T-A-C-G-C-T	6099
O_CM_1998_98CMAB197	T.....CT-T-T-T-T-T	TATCC-CAC-AG-C-T	T-C-A-G-C-T	6042
O_CM_1998_98CMU2901	T.....CT-T-T-T-T-T	TATT-AAA-T-RC-YR-T	T-A-G-C-T-T-C	6095
O_CM_1998_98CMU5337	T.....CT-T-T-T-T-T	TAYCC-ACAC-T-C-C	A-G-A-C-T-T-C	6092
O_CM_1999_99CMU4122	T.....CT-T-T-T-T-T	TATCC-AAA-T-A-C	A-G-A-C-T-T-C	6090
O_FR_1992_VAU	- - - - - GT-A-T-T-G	TAT-AGC-AAA-T-A-C	G-T-T-C	6174
O_US_1999_99USTWLA	- - - - - T-G-T-A-T-G	TAT-AC-AAA-IT-T	C-A-C-A-T	6091
N_CM_1997_YBF106	- - - - - T-G-T-T-T-T	TATCC-ACGC-T-A-A	T-A-C-T-T-CC	6664
N_CM_2006_06CM_U14842	- - - - - T-G-T-T-T-T	-GC-AAC-T-T-T	A-G-T-T-C-T	6160
N_CM_2002_D00131	- - - - - T-G-T-T-T-T	-GCC-A-C-A-C-T	A-C-T-T-C	6076
N_CM_2004_04CM-SJddd	T.....T-T-T-T-T-T	-GCC-A-C-C-A-T	A-C-T-T-C	6075
N_CM_2004_04CM-0105_04	T.....T-T-T-T-T-T	-GCC-A-C-C-A-T	A-C-T-T-C	6075
N_CM_2004_04CM-1131_03	T.....T-T-T-T-T-T	-CAT-AAC-C-T	A-C-T-T-C	6109
N_CM_2006_06CM_U14296	T.....T-T-T-T-T-T	-G-A-A-CCC-A-T	A-C-T-T-C	6060
H1N_CM_95_YBF30	T.....T-T-T-T-T-T	-GC-ACCC-A-T-A	G-A-A-C-A-C-A	6190
HIP_FR_06_RBFI68	- - - - - T-C-A-AT-G	-CAA-A-A-G-TCT	T-T-GAC-A-G	6076
HIP_CM_06_U147488	- - - - - T-GA-AT-G	-CAGGA-A-AT-A	G-A-C-T-C-G	6089
CP2_CD_90_ANT	A.....T-T-T-AG-T-TATT	-TAG-C-C-CTC-GTC	GTTT-ATGCTTAT	6026
CP2_CM_01_SIVcpzCAM13	T.....T-T-T-T-T-T	-AT-TC-TAT-A	-AGT-ACA-A-GN-ACAA	6181
CP2_CM_05_SIVcpzMB66	T.....T-T-T-T-T-T	-TC-TCAT-A	-TCC-A-T-AT	6181
CP2_CM_05_SIVcpzMT145	T.....T-T-T-T-T-T	-A-A-C-AAC-A	-AT-A-C-G-C-T	6185
CP2_CM_05_SIVcpzEK505	T.....T-T-T-T-T-T	-C-C-ACCT-C	-G-A-C-T-C-G	6148
CP2_CM_05_SIVcpzLB7	T.....T-T-T-T-T-T	-C-A-ACC-C	-CG-G-T	6152
CP2_CM_05_SIVcpzMB897	T.....T-T-T-T-T-T	-A-C-ACC-A-C	-CA-T-A-C	6168
CP2_CM_05_SIVcpzDP943	T.....T-T-T-T-T-T	-A-AGC-C-A-A	-A-T-A-C	6144
CP2_CM_98_CAB8	T.....T-T-T-C-G	-GCATG-ACC-A	-G-G-G-TGCA	6181
CP2_CM_98_GAB1	T.....T-T-GT-T-G	-GATA-CC-C	-AT-T-G	6307
CP2_GA_88_GAB2	T.....T-T-GT-C-G	-T-TC-TCC	-AT-T-GAC	6667
CP2_GA_88_GAB2	T.....T-T-GT-C-G	-CA-CC-AA-T	-G-A-T-G	6008
CP2_US_85_CZPUS	T.....T-T-T-T-T	-CAT-CC	-TG-A	6674
CP2_TZ_2001_TAN2	T.....TT-T-T-T-T-T	-CCYCA-C	-G-T-G	6228
CP2_TZ_2002_TAN3	T.....TT-T-T-T-T-T	-T-AT-SMY	-G-T-GAA	6137
GOR_CM_2007_SIVgor2139_287	T.....C-A-GG-AC-G	-GCC-TA-C	-AT-AT-A	6136
GOR_CM_2007_SIVgorCP2135con	T.....C-A-GG-AT-G	-T-TCC-A	-R-A-G-C-C	6062
GOR_CM_2004_SIVgorCP684con	T.....C-A-GG-AC-G	-T-TCC-A	-A-R-G-C-C	6062
RCM_CM_SIVVag1_00NCM12	A.....GA-GAGGA-TAT-C	-CCA-T	-T-A-G-GCTG	6089
RCH_CM_XA_GA-XA	A.....GA-GGGACTGT-C	-CTT	-GC-G-C-TGCA	6137
RCH_CM_XA_GA-XA	A.....GA-GAGGA-TAT-C	-T-GA	-G-TGCA-GAA	6283
H2A_NG_XA	A.....GA-GAGGA-TAT-C	-CCA	-G-TGCT-GAA	6283
H2A_NG_XA	A.....GA-GAGGA-TAT-C	-CCA	-GGC-G-TGCA	6283
H2B_EH_XO	A.....GACA-TGATG-TT-G	-A-A-TT	-GGC-G-TGCA	7028
H2G_C1_92_AB796	A.....GATA-TGATG-TTACAC	-A-CAAT	-GGC-G-TGCA	6993
H2L_FR_96_12834	T.....GATA-TGATG-TTACAGT	-C-GCAT-G	-GGC-G-TGCA	6341
SMM_SL_92_SL928	T.....GATA-TGGT-TTATTC	-T-GCAT	-GGC-G-TGCA	6482
	A.....GATA-TGGG-TATTTC	-T-GGCC	-GGC-G-TGCA	6355
		-AGCAC-ACT	-GGCAAT-G	6355











PLV Complete Genomes

## Alignments

H1B.FR.83.HXB2	TTCAGCAATCTCCAGGGGGGACCCAGAAATTGAAACGCACAGTTAATTGAGGGAAATTCTACTGTAATTACACAACACTGTTAATAGTACTGGGAGTACTGAAGGGTCAAATAACACT.....	7448
Env	F K Q S S G G D P E I V T H S F N C G G E F F Y C N S T O L F N S T W S T E G S N N T :.....	6893
H1A1.UG.85.U455	--GCTAGC-----T-----AC-----A-T-C-----A-----T-----C-----A-----T-----C-----A-----T-----C-----A-----T-----C-----A-----T-----C-----G-----	6839
H1C.ET.86.ETH220	--A-C-----T-----AC-----A-C-----A-----T-----T-----AC-----A-C-----A-----T-----A-----A-----T-----GG-----G-----A-----AA-----A-----G-----	6984
H1D.CD.84.BZR085	--CT-----TG-----T-----AC-----A-T-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----T-----GG-----G-----A-----AA-----A-----G-----	6743
H1F1.BE.93.V1850	--CAT-----AA-----T-----ATG-----G-----AG-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----GG-----G-----A-----AA-----A-----G-----	6899
H1G.SE.93.56165	--CATC-----C-----T-----AT-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----GG-----G-----A-----AA-----A-----G-----	6752
H1H.SE.93.56165	--AACCA-C-A-C-----A-----T-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6626
H1I.SE.93.567887	--AGC-----T-----A-----T-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	7496
H1K.CM.96.MP535	--AGT-----T-----A-----T-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	7512
O.BE.1987.ANT70	--AGT-----T-----A-----T-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	7557
O.CM...BCF06	--AGT-----T-----A-----T-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6979
O.CM.1991.MVP5180	--AGT-----T-----A-----T-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6704
O.CM.1996.96CM102	--AGT-----T-----A-----T-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6931
O.CM.1998.98CMAB141	--AGT-----T-----A-----T-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6949
O.CM.1998.98CMAB197	--AGT-----T-----A-----T-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6949
O.CM.1998.98CMU2901	--CAT-----T-----TGT-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6931
O.CM.1998.98CMU537	--CTT-----AT-----A-----G-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6949
O.DI.1993.99MU4122	--A-T-----A-----T-----G-----A-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6956
FR.1992.UG	--AGT-----T-----A-----T-----G-----A-----GG-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6949
O.US.1999.29USTWLA	--A-T-----AT-----T-----ATAC-----G-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6966
O.US.I.2478B	--AGTA-----T-----A-----T-----G-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	7590
N.CM.1997.YBF106	--A-T-----T-----G-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6954
N.CM.2006.06CM-U14842	--A-T-----T-----G-----AACCGTATTACAC-----C-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----G-----	6912
N.CM.2902.DJ080131	A-C-----G-----AAGAAT-----A-----A-----G-----AAC-----CTT-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----A-----	6875
N.CM.2902.02CM-SJGddd	C-C-----G-----GTGAA-ATT-----A-----A-----G-----AAC-----CTT-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----A-----	6847
N.CM.2904.04CM-1015-04	C-C-----G-----GTGAA-ATT-----A-----A-----G-----AAC-----CTT-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----A-----	6865
N.CM.2904.04CM-1131-03	A-----A-----T-----G-----AAC-----CTT-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----GG-----G-----A-----G-----G-----AAC-----AAC-----A-----	6918
N.CM.2006.06CM.U14296	A-----A-----A-----G-----AAC-----AY-----T-----TTA-----TG-----C-----CAT-----A-----G-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----G-----GAGGRCCA-----	6884
H1N.CM.95.YBF30	C-----CGAG-----GAGGAAT-----A-----A-----T-----G-----GAC-----CCTA-----TG-----C-----G-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----TGAGC-----	7011
H1P.FR.06.RBF168	--CG-----A-----CAGT-----G-----GG-----TCTT-----TGAC-----C-----G-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----T-----C-----G-----	6942
CPZ.CD.98.ANT	--AA-----CAGT-----G-----GG-----TCTT-----TGAC-----C-----G-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----	6973
CPZ.CM.05.SIVcpzCAM13	--ATG-----AC-----T-----CAT-----AT-----A-----T-----T-----G-----AAA-----GT-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----	6901
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	--GGA-----C-----AG-----G-----T-----TT-----G-----GG-----AAC-----AC-----TTAC-----C-----TC-----G-----AT-----CTT-----C-----GCC-----A-----ACACG-----	7041
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	--T-----GTCT-----T-----G-----G-----GACT-----TAC-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----T-----AT-----GG-----G-----A-----	7081
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	--T-----CCAATC-----C-----A-----T-----G-----AAC-----ACTTA-----TG-----C-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----	6939
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	--GCA-----CAGT-----T-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----TTCA-----TG-----C-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----GAGC-----	6946
CPZ.CM.-SIVcpzMB897	--G-----AGTG-----A-----C-----C-----A-----T-----T-----G-----AAC-----T-----A-----TTA-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----GG-----G-----A-----	6971
CPZ.CM.-SIVcpzDP943	--CAG-----TCAAC-----A-----A-----G-----A-----ACAT-----TG-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----	7005
CPZ.CM.98.CAM5	--CA-----C-----AA-----C-----C-----A-----T-----G-----AC-----AT-----TG-----T-----GG-----G-----AAC-----CAT-----A-----CT-----CA-----G-----GA-----T-----A-----	7161
CPZ.GA.88.GAB1	--C-----C-----G-----A-----T-----G-----GG-----CAC-----T-----TG-----C-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----A-----T-----GC-----A-----C-----AT-----T-----A-----	7485
CPZ.GA.88.GAB2	--C-----C-----G-----A-----T-----G-----GG-----CAC-----T-----TG-----C-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----A-----T-----AG-----T-----A-----	6838
CPZ.US.85.CPZUS	--A-----TT-----C-----A-----T-----G-----G-----G-----AT-----AT-----TG-----T-----GG-----G-----A-----G-----T-----A-----A-----T-----CC-----C-----AAC-----C-----T-----	7462
CPZ.TZ.2002.TAN2	AGTTG-----GGAGTAA-----A-----T-----GG-----AGC-----GCTT-----T-----G-----CA-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----T-----GG-----G-----A-----	7100
CPZ.TZ.2002.TAN3 1	--G-----CTG-----CATAA-----A-----T-----GG-----AGC-----A-----CTT-----TG-----C-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----T-----AC-----T-----C-----	7157
GOM.CM.2004.04CM-02129 287	--G-----CTG-----CATAA-----A-----T-----GG-----AGC-----A-----CTT-----TG-----C-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----T-----AC-----T-----A-----	6977
GOM.CM.2004.04CM-02135con	--A-----T-----T-----A-----T-----GG-----ACCTT-----C-----T-----G-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----T-----AC-----T-----A-----	6981
GOM.CM.2004.SIVcpzP684con	--A-----G-----G-----T-----GG-----ACCTT-----C-----T-----G-----CAT-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----T-----AC-----T-----A-----	6931
RCM.CM.SIVtrm-02CM8081	--A-----GATC-----CAT-----AT-----T-----TGAT-----GC-----A-----G-----T-----T-----GG-----G-----ACCT-----T-----TGAC-----A-----C-----T-----G-----AC-----ACAAGG-----GCTT-----GCAATAAG-----	AAC 7006
RCM.CM.SIVvag-00CM312	--A-----G-----TC-----TT-----AT-----TGAT-----GC-----A-----C-----T-----G-----GG-----G-----ACCT-----T-----TGAC-----A-----C-----T-----G-----A-----T-----AC-----T-----A-----	ACA 7144
RCM.GA.x.GA81	--A-----GAAC-----TCA-----T-----TGAT-----GC-----A-----G-----T-----A-----GG-----AAC-----T-----A-----A-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----T-----GG-----G-----A-----	7191
RCM.NG.x.NG411	--A-----GATC-----GT-----AT-----TGAT-----GC-----A-----G-----T-----A-----GG-----AAC-----T-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----GG-----G-----A-----	7945
H2A.DE.x.BEN	CG-----A-----C-----GGGG-----CTCA-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----GG-----TAT-----TGAT-----GAC-----C-----CA-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----C-----	7945
H2B.CI.x.EHO	CG-----A-----C-----GG-----A-----CTCA-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----GG-----TAT-----TGAT-----GAC-----C-----CA-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----C-----	7904
H2G.CI.92.ABT96	CA-----CA-----C-----GGG-----TTCA-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----GG-----AAC-----T-----TGAT-----TGAT-----GAC-----G-----A-----T-----GG-----G-----A-----A-----T-----GG-----G-----A-----	7279
H2U.FR.96.12034	CA-----CA-----C-----GG-----A-----GG-----A-----T-----TT-----GG-----AAC-----T-----TGAT-----TGAT-----GAC-----C-----CA-----A-----C-----T-----G-----A-----T-----GG-----G-----A-----	7405
SMM.SL.92.SL92B	CGGCC-----CGGGGG-----T-----G-----G-----CAC-----TTCA-----TGAT-----GAC-----C-----CA-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----C-----CC-----A-----	7314
V5 loop start		
MAC.US.x.239	CGGCT-----CTGGGG-----A-----T-----G-----G-----AC-----CC-----T-----G-----GAC-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----A-----G-----C-----	7863
Env	T-----A-----P-----G-----G-----D-----P-----E-----V-----T-----F-----M-----W-----T-----N-----C-----R-----G-----E-----F-----L-----Y-----C-----K-----M-----N-----W-----F-----L-----N-----W-----V-----E-----D-----R-----N-----T-----A-----N-----	0 K
STM.US.x.STM	--GGCT-----CTGGGG-----A-----T-----GG-----CACCTCTCATG-----GAC-----A-----CC-----T-----A-----C-----T-----T-----C-----AT-----G-----AT-----TG-----G-----A-----C-----G-----A-----	7517
MNE.US.x.MNE027	CGGCT-----CTCAGGG-----A-----T-----G-----G-----AC-----CC-----T-----G-----GAC-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----A-----G-----CTGACTG-----A-----	7340
DEB.CM.SIVdeb04CMF3061	CA-----T-----A-----C-----A-----TAG-----GG-----G-----ACA-----G-----GT-----T-----G-----CC-----CAT-----A-----C-----T-----T-----C-----G-----TCG-----GCC-----A-----C-----T-----C-----	7279
DEB.CM.99.CM5	CGAGT-----C-----ATC-----A-----T-----T-----TAGG-----GG-----G-----AC-----ACAGT-----G-----C-----A-----CCAT-----A-----C-----T-----A-----T-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----	7106
DEN.CD.x.CD1	A-----GTA-----C-----GGGG-----A-----C-----GG-----G-----AC-----G-----GT-----G-----C-----G-----A-----G-----A-----T-----GG-----G-----A-----G-----A-----T-----GG-----G-----A-----	7484
LST.CD.88.447	A-----T-----AC-----AGAG-----G-----A-----T-----TT-----C-----CA-----A-----G-----T-----TT-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----C-----GG-----G-----A-----	6616
LST.CD.88.485	A-----T-----AC-----AGCG-----G-----A-----T-----TT-----C-----CA-----A-----G-----T-----TT-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----C-----GG-----G-----A-----	6613
LST.CD.88.524	A-----T-----AC-----AGAG-----G-----A-----T-----TT-----C-----CA-----A-----G-----T-----TT-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----C-----GG-----G-----A-----	6619
LST.KE.x.lho7	A-----T-----ACTAGGAT-----C-----A-----T-----T-----CA-----A-----G-----T-----TT-----G-----T-----G-----TAGGA-----G-----C-----AA-----TGTGAATGACAA-----A-----A-----T-----AGAT-----T-----GG-----G-----A-----	7691
SUN.GA.x.L14	CA-----T-----G-----GAAGCAT-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----TG-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----TT-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----ATGATG-----A-----G-----C-----C-----T-----A-----T-----GG-----G-----A-----	7759
MND.GA.x.MNDGB1	A-----T-----I-----ACTA-----T-----A-----TAG-----G-----GAC-----G-----A-----CA-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7049
OLC.CI.x.512	AG-----A-----T-----AAAGAG-----C-----CC-----T-----CT-----C-----CA-----A-----T-----TG-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7000
WRC.CI.97.97C114	ACTTCAC-----AGAAA-----C-----CT-----C-----CA-----A-----T-----ATATA-----TG-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	6954
WRC.CI.98.98C104	ACTTCAC-----AAACAA-----C-----CT-----C-----CA-----A-----T-----TT-----TG-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7639
WRC.GM.05.Pbt.05GM_X02	ACTTCAC-----AAACAA-----C-----CT-----C-----CA-----A-----T-----TT-----TG-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	6535
MND-2.CM.98.CM16	C-----G-----CT-----CA-----A-----GAA-----G-----A-----G-----G-----GAC-----A-----T-----TT-----TG-----CCTC-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7604
MND-2.GA.x.M14	G-----G-----CT-----CA-----A-----GAT-----G-----G-----G-----GCA-----A-----T-----TT-----TG-----CCTC-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7530
MND-2.x.x.M540	G-----G-----TCCA-----TTAA-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----GCA-----A-----T-----TT-----TG-----CCTC-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7231
DRL.x.x.FAO	A-----TT-----T-----CA-----A-----G-----AC-----T-----TG-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7277
MON.CM.99.L1	GG-----GATTTCAAC-----C-----A-----A-----GG-----CCAG-----T-----T-----GG-----GAGA-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7277
GSN.CM.99.CN166	GG-----GATTTCAAC-----C-----A-----A-----GG-----CCAG-----A-----C-----T-----T-----GG-----GAGA-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----	7277
GSN.CM.99.CN71	GG-----GCTC-----GAGC-----T-----A-----T-----GG-----G-----CC-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7388
TAL.CM.00.266	GG-----G-----C-----GT-----AGGA-----A-----T-----GG-----ACA-----CTTTTT-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----	7394
TAL.CM.81.8023	GG-----G-----A-----G-----AG-----A-----T-----G-----ATC-----CTCTTT-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----	7272
MUS.1.CM.1.1985	GG-----G-----ATG-----G-----A-----T-----G-----GG-----CCAG-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----	6822
MUS.1.CM.01.CM239	GG-----G-----ATG-----G-----A-----T-----G-----GG-----CCAG-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----	7382
MUS.2.CM.01.CM1246	GG-----G-----CTC-----GAGC-----A-----T-----GG-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----	7289
MUS.2.CM.01.CM2500	GG-----G-----CTCTGAGC-----AA-----A-----GG-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----	7289
SYK.KE.x.KE51	GG-----G-----TGGCAAC-----CA-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----	7111
SYK.KE.x.SYK173	GG-----G-----TCCCAGC-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7418
GRV.ET.x.GRI.677	GG-----G-----AT-----GG-----AC-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7752
SAB.SN.x.SABC	--CTA-----AGACA-----T-----G-----T-----CT-----TT-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7094
TAN.UG.x.TAN1	GGCTAAGTAGGAT-----C-----A-----G-----T-----GCA-----CT-----ACATTT-----G-----C-----CCA-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----	7556
VER.DE.x.AGM3	A-----CT-----GAGACT-----TT-----GCA-----C-----AT-----TT-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7094
VER.KE.x.90663	A-----CT-----GAGACGATG-----T-----GCA-----C-----AT-----TT-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7596
VER.KE.x.AGM155	--TT-----GAGACA-----TT-----GCA-----C-----AT-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7576
VER.KE.x.Y101_patent	--AGACA-----I-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	7572
COL.CM.x.CGU1	GG-----TGG-----AATAG-----AC-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----	6852

PLV Complete Genomes

## Alignments

PLV Complete  
Genomes

PLV Complete Genomes

## Alignments

Genomes  
PLV Complete



		RRE end		
H1B.FR.83.HXB2				
Env				
H1A1.UG.85.U455				
H1C.ET.86.ETH2220				
H1D.CD.84.84ZR085				
H1F1.BE.93.V1850				
H1G.SE.93.S6165				
H1H.SE.93.956				
H1I.SE.93.SE7887				
H1K.CM.96.MP535				
O.BE.1987.ANT70				
O.CM..BCF06				
O.CM.1991.MVP5180				
O.CM.1996.96CMAl02				
O.CM.1998.98CMAB141				
O.CM.1998.98CMAB197				
O.CM.1998.98CMU2901				
O.CM.1998.98CMU5337				
O.DI.1992.99HU4122				
FR.1992.99HU				
O.US.1999.99UTWL4				
O.US.1999.2478B				
N.CM.1997.YBF106				
N.CM.2006.06CM-U14842				
N.CM.2002.DJ008131				
N.CM.2002.02CM-SJGdd				
N.CM.2004.04CM.1015-04				
N.CM.2004.04CM.1131-03				
N.CM.2006.06CM.U14296				
H1N.CM.95.YBF30				
HIP.FR.06.RBF168				
HIP.FR.06.U14788				
CPZ.CD.98.ANT				
CPZ.CM.05.SIVcpzCAM13				
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66				
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145				
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505				
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7				
CPZ.CM.-SIVcpzMB897				
CPZ.CM.-SIVcpzDP943				
CPZ.CM.98.CAM5				
CPZ.GA.88.GAB1				
CPZ.GA.88.GAB2				
CPZ.US.85.CPZUS				
CPZ.TZ.2001.TAN2				
CPZ.TZ.2002.TAN3 1				
GOR.CM.2007.SIVg09.P2135con				
GOR.CM.2008.SIVg09.P684con				
RCM.CM.SIVvag-00CM801				
RCM.CM.SIVvag-00CM312				
RCM.GA.x.GA81				
RCM.NG.x.NG411				
H2A.DE.x.BEN				
H2B.CI.x.EHO				
H2G.CI.92.ABT96				
H2U.FR.96.12034				
SMM.SL.92.SL92B				
RRE end				
MAC.U.S.x.239				
Env				
STM.US.x.xSTM				
MNE.US.x.MNE027				
DEB.CM.SIVdeb04CMF3061				
DEB.CM.99.CM5				
DEN.CD.x.CD1				
LST.CD.88.447				
LST.CD.88.485				
LST.CD.88.524				
LST.CE.x.lho7				
SUN.GA.98.L14				
MND.GA.x.MNDGB1				
OLC.CI.97.97C112				
WRC.CI.97.97C114				
WRC.CI.99.98C104				
WRC.GM.05.Pbt.05GM_X02				
MND-2.CM.98.CM16				
MND-2.GA.x.M14				
MND-2.x.x.5440				
DRL.x.x.FAO				
MON.CM.99.L1				
GSN.CM.99.CN166				
GSN.CM.99.CN71				
TAL.CM.00.266				
TAL.CM.81.8023				
MUS-1.CM.1-1.085				
MUS-1.CM.01.CM1239				
MUS-2.CM.01.CM1246				
MUS-2.CM.01.CM2500				
SYK.KE.x.KE51				
SYK.KE.x.SYK173				
GRV.ET.x.GRI_677				
SAB.SN.x.SABIC				
TAN.UG.x.TAN1				
VER.DE.x.AGM3				
VER.KE.x.9063				
VER.KE.x.AGM155				
VER.KE.x.Y101_patent				
COL.CM.x.CGU1				



PLV Complete Genomes

## Alignments





Env gp41, gp160 end		Nef start			
H1B.FR.83.HXB2	AGG.....ATTGCTATAAG.....	M G G K W S K S S V I G W P T V R E R M R R	.ATGGGTGCAAGTGGTCAAAAGTAGTGATTGGATGCCACTGTAAAGGAAAGAATGAGACGA.....	GCTGAGGCCAGCAGCATAG 8882	A E P A A D R
Nef	R.....I L L *	-	- AG - CAGAG - G - A -	- GAG - T - A -	- GA -
Env	GCA.....GC - - A - A -	- G - - C AT - T	- CCAAG - A -	- G - A -	- A -
H1A.UG.85.U455	GCA.....GC - - A - A -	- A -	- A - AG -	- A - AA -	- CT -
H1C.ET.86.ETH220	GCA.....GC - - A - A -	- G - A -	- G - A -	- A - AA -	- Gg - 8279
H1D.CD.84.84ZR085	GCA.....GC - - A - A -	- A -	- C - A - AG -	- G - A -	- G - 8477
H1F1.BE.93.T1859	GCA.....GC - - A - A -	- A -	- CA - AG -	- G -	- A - 8159
H1G.SE.93.SE6165	GCA.....GC - - A - A -	- A -	- CGAG -	- A - AAC -	- A - CCCTA -
H1H.SE.93.90.051	GCA.....GC - - A - A -	- A -	- G - T - A -	- G -	- A - 8321
H1J.SE.93.SE7887	GCA.....GC - - A - A -	- A -	- GA - GG -	- G -	- A - T -
H1K.CM.96.MP535	GCA.....GC - - A - A -	- A -	- G - T - A -	- G -	- G - 8202
O.BE.1987.ANT70	GCA.....GC - - A - A -	- A -	- A - AG -	- G -	- GTC - C - CT -
O.CM..BCF06	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- G - AAT - TGAG -	- G - AG - A -	- GCAAGCAGCAGCAGACAGGGTGGAA - AC - A -
O.CM.1991.MVP5180	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GAATGCA - AGC -	- A - AAT - TGCA -	- AGAACT - AGAACATTTCCCTGAGT - A - TGC - CC - G - 8969
O.CM.1996.96CM102	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GAATGCA - AGC -	- A - AAT - TGCA -	- GATC - C - A - TGT - CC - G - 8333
O.CM.1998.98CMABB141	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GC - AT - G - C	- T - AGAA -	- GATC - C - A - TGT - CC - G - 9030
O.CM.1998.98CMABB197	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GC - AT - G - C	- T - AGAA -	- A - TGT - CC - G - 8991
O.CM.1998.98CMU2901	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GC - AT - G - C	- T - AGAA -	- AAAGCTCTCTGATCTCAA - A - TGT - CC - G - 8473
O.CM.1998.98CMU5337	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GC - AT - G - C	- T - AGAA -	- AAAACTTCCCCTGAGTCT - A - TGT - CC - G - 8480
O.CM.1998.98CMU4122	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- G - AT - G - C	- A -	- AGAATTTCTCTGATCT - A - TGT - CC - G - 8413
O.FR.1992.VAU	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- G - AT - G - C	- A -	- AGATCA - CAAAG - CA - TGT - CC - G - 8419
O.US.1999.99USTWLA	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- G - AT - G - C	- A -	- CACCAACCTCCCCAGCTCT - A - TGT - CC - G - 8438
O.US.I.2478B	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- G - AT - G - C	- A -	- CG - A -
N.CM.1997.YBF106	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCAC - TT - A -	- G -	- CAACTCTCCCT - A - TGT - CC - G - 8439
N.CM.2006.06CM.U14842	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCAC - TT - A -	- G -	- AGGCTT - CCAGAGC - TAG - CC - G - 9096
N.CM.2002.D100131	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCAC - TT - A -	- G -	- AAAC - CCAGAGC - TAG - CC - G - 8991
N.CM.2002.02CM.SJgddd	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- CAACTCTCCCT - A - TGT - CC - G - 8382
N.CM.2004.94CM.1015.94	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- AGAACCTCTCTGAG - A - TGT - CC - G - 8354
N.CM.2004.94CM.1131.93	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- AGGGCAGAACAACTCAAGAGMAGCAGCA - G - CAG - TAG - 8329
N.CM.2006.06CM.U14296	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- AGACAAAGAACAACTCAAGAGCAGCTCAA - CAA - A - CAG - TAG - 8323
H1N.CM.95.YBF30	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- AGGCAAACTCAAGAGCAGCTCAA - CAA - A - CAG - TAG - 8391
H1P.CM.06.U14788	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- CAAACTCGAGAGACAC - A - TAGA - C - CAG - 8369
CP2.CM.01.SIVcpzCAM13	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- CAAACTCGAGAGACAC - A - TAGA - C - CAG - 8469
CP2.CM.05.SIVcpzMB66	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- CAAACTCGAGAGACAC - A - TAGA - C - CAG - 8437
CP2.CM.05.SIVcpzMT145	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ACTACCCGACTACCCTGAGCCGACTACC - A - TAA - C - T - CCCG - 8485
CP2.CM.05.SIVcpzE5905	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
CP2.CM.05.SIVcpzLB7	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
CP2.CM.-SIVcpzMB897	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
CP2.CM.-SIVcpzDP943	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
CP2.CM.98.CAM5	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
CP2.GA.88.GAB1	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
CP2.GA.88.GAB2	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
CP2.US.85.CPZUS	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
CP2.TZ.2001.TAZ12	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
CP2.TZ.2001.TAZ13	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
GOR.CM.2007.SIVgor2139.287	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
GOR.CM.2007.SIVgorCP2135con	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
GOR.CM.2004.SIVgorCP684con	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
RCM.CM.SIVvag1-00CM312	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
RCM.GA.x.GAB1	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
H2A.DE.x.BEN	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
H2B.CT.x.EHO	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
H2G.CT.92.ABT96	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
H2U.FR.96.12034	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
SMM.SL.92.SL92B	GCA.....GC - - AAT - C	- A -	- GCA - AG	- G -	- ATACA - AACTC - A - AAC - TGT - CC - G - 8336
Env gp41, gp160 end					
MAC.US.x.239	CTC.....C-C-CT-G-G-	-	-	-	GGGACAGAAT - CAATCG - G - C - GTA 9270
Env	CTC.....C-C-CT-G-G-	-	-	-	
Nef	S.....T L L L *	-	-	-	
STM.US.x.STM	CTC.....C-C-CT-G-G-	-	-	-	G 0 K Y N 0 G 0 Y
MNE.US.x.MNE027	CTC.....C-C-CT-G-G-	-	-	-	GCCTCAGAGAT - TAAT - A - GTC - ATT 8921
DEB.CM.SIVdeb64CMPF3061	CTC.....C-C-CT-G-G-	-	-	-	GGGACAGAAT - CAATCG - G - C - GTT 8747
DEB.CM.99.CM5	CTT.....T - A - C - C -	-	-	-	8650
DEN.CD.x.CD1	CTT.....T - A - C - C -	-	-	-	8480
LST.CD.88.447	CTT.....T - A - C - C -	-	-	-	8035
LST.CD.88.485	CTT.....T - A - C - C -	-	-	-	8032
LST.CD.88.524	CTT.....T - A - C - C -	-	-	-	8035
LST.KE.x.lhot	CTT.....T - A - C - C -	-	-	-	9110
SUN.GA.98.114	CTC.....C-C-TA-C-G-	-	-	-	9181
MND.CM.GA.x.MNDGB1	CTC.....C-C-TA-C-G-	-	-	-	8378
OLC.CT.97.97C112	CTC.....C-C-TA-C-G-	-	-	-	8323
WRC.CT.97.97C114	CTC.....C-C-TA-C-G-	-	-	-	8923
WRC.CT.98.98C104	CTC.....C-C-TA-C-G-	-	-	-	8959
WRC.GM.05.Pbt.05GM_X02	CTC.....C-C-TA-C-G-	-	-	-	7855
MND-2.CM.98.CM16	GTC.....C - CC - CAAC - G	-	-	-	8909
MND-2.GA.x.M14	GTC.....C - GC - CAAC - G	-	-	-	8838
MND-2.x.x.5440	GTC.....C - AC - CAAC - G	-	-	-	8545
DRL.x.x.FAO	GTC.....C - C - CAAC - G	-	-	-	8606
MON.CM.99.L1	GTC.....C - C - CAAC - G	-	-	-	8788
GSN.CM.99.CN166	GTC.....C - C - CAAC - G	-	-	-	8771
GSN.CM.99.CN71	GTC.....C - C - CAAC - G	-	-	-	8771
TAL.CM.98.266	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	T - AA - ATGGCA - ACAG - 8616
TAL.CM.98.8023	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	T - A - GATGGCA - TCCGA 8226
MUS-1.CM.91.1085	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8780
MUS-1.CM.91.CM1239	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8749
MUS-2.CM.01.CM246	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8845
MUS-2.CM.01.CM2500	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8801
SYK.KE.x.KE51	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8801
SYK.KE.x.SYK173	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	C - CATCTTGG 8434
GRV.ET.x.GRI.677	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	GCCATT-ACC - C - CG - 8741
SAB.SN.x.SAB1C	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8741
TAN.UG.x.TAN1	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8741
VER.DE.x.AGM3	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8741
VER.KE.x.9063	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8741
VER.KE.x.AGM155	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8741
VER.KE.x.TY01_patent	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8741
COL.CM.x.CGU1	TAT.....TGC - TAC - G	-	-	-	8151







TCF-1 alpha binding														
Nef end														
H18.FR.83.HXB2	TGACAGCCGCCATAGCATTCTCAC	. . . . .	GTGGCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAGAACGTC	. . . . .	TGA									
Nef	D S R L A F H H	V A R E L H P E Y F K N C	*											
H1A.UG.85.U455	---T-A-C-G-A-A-A-	. . . . .	AGA-TTAT	. . . . .	T-AT-AG-									A 8866
H1C.ET.86.ETH220	-A-T-A-C-G-G-A-	. . . . .	A-A-C-A-	. . . . .	T-A-AG-									8817
H1D.CD.84.84ZR085	-A-A-A-G-G-A-	. . . . .	AA-AA-AAA-T	. . . . .	-I-A-L-AG-									8965
H1F.BU.94.V1850	-A-G-C-GAGA-A-	. . . . .	A-A-A-AGA-	. . . . .	-A-A-AG-									8703
H1G.SE.93.SE0165	-TA-A-CGAGA-A-	. . . . .	A-A-TAA-	. . . . .	TAA-									8859
H1H.SE.93.00000000	-CGAGA-A-	. . . . .	A-A-C-A-	. . . . .	C-A-AG-									8715
H1J.SE.93.E7887	-TTC-CGAGAA-G-	. . . . .	A-C-C-	. . . . .	TT-A-C-AG-									8604
H1K.CM.96.MP535	-T-ATCT-GCAACACC-T	. . . . .	C-A-CT-C-G	. . . . .	G-GACTAA-									9521
O.8E.1987.ANT70	-T-ATCAT-GCC-CACA-T	. . . . .	A-T-TGC-AAA-	. . . . .	C-A-CT-CCC-A	. . . . .	TAAC-A-	. . . . .						9535
O.CM.1991.MVP5180	-T-ATCAT-GCA-AAA-T	. . . . .	A-A-CT-C-CCC-	. . . . .	C-A-CT-CCC-	. . . . .	AA-T-	. . . . .						9024
O.CM.1996.96CMA102	-T-ATCA-CA-CACC-T	. . . . .	T-T-TAACAA-C	. . . . .	A-C-CT-C-TC-	. . . . .	A-GAC-	. . . . .						9034
O.CM.1998.98CMAB141	-ATCA-G-GCAACACC-T	. . . . .	T-T-TAACAA-C	. . . . .	A-C-CT-C-TC-	. . . . .	GAC-A-	. . . . .						9037
O.CM.1998.98CMAB197	-T-ATCT-GCAACATC-T	. . . . .	T-T-TAACAA-C	. . . . .	A-C-CT-C-TC-	. . . . .	GAC-A-	. . . . .						8959
O.CM.1998.98CMU2901	-T-ATCA-CCTT-C-	. . . . .	T-T-TAACAA-C	. . . . .	A-C-CT-CCC-G	. . . . .	GAC-A-	. . . . .						8963
O.CM.1998.98CMU5337	-T-ATCA-GCG-CACC-T	. . . . .	T-T-TAACAA-C	. . . . .	C-T-TCT-C	. . . . .	GAC-A-	. . . . .						8970
O.CM.1999.98CMU4122	-T-ATCA-GCAACATA-T	. . . . .	T-T-TAACAA-C	. . . . .	A-C-CT-CTC-G	. . . . .	GAC-A-	. . . . .						8988
O.FR.1992.VAU	-T-ATCA-GCAACACC-T	. . . . .	A-T-T-TAACAA-C	. . . . .	A-C-CT-TCC-A	. . . . .	GAC-A-	. . . . .						8988
O.US.1999.JUSTWLA	-T-ATCA-GCAACACC-T	. . . . .	T-T-TAACAA-C	. . . . .	C-T-CTC-G	. . . . .	GAC-A-	. . . . .						8989
O.US.1999.24798B	-ATCA-G-AGAAAGA-T	. . . . .	A-C-CT-TAA-	. . . . .	CCC-G	. . . . .	GAC-A-	. . . . .						9648
N.CM.1997.PBE106	-G-AGAAAGA-T	. . . . .	C-T-A-TGCA	. . . . .	TGC									8950
N.CM.2006.06CM-U14842														8637
N.CM.2002.DJ09131														8892
N.CM.2002.0022-S1Gdd														8615
N.CM.2004.04CM-1015-04														8861
N.CM.2004.04CM-1131-03														8929
N.CM.2006.06CM-U14296														8545
H1N.CM.95.YBF30														9007
HIP.FR.06.RBF168														8654
CP2.CD.90.ANT														8876
CP2.CM.01.SIVcpCAM13														8875
CP2.CM.05.SIVcpMB66														8876
CP2.CM.05.SIVcpMT145														8877
CP2.CM.05.SIVcpZEK505														8924
CP2.CM.05.SIVcpLB7														8952
CP2.CM.05.SIVcpMB897														9007
CP2.CM.05.SIVcpPD943														9007
CP2.CM.98.CAMS														9162
CP2.GA.88.GAB1														9493
CP2.GA.88.GAB2														8832
CP2.US.85.CPZUS														9460
CP2.TZ.2001.TAN2														9102
C-T.ATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	G-T-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .					9156
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-T	. . . . .					9001
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-A-G	. . . . .					8946
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-C-A	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .					9007
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .					9041
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-T-C	. . . . .	C-A-A-C	. . . . .	T-G-A-G	. . . . .					8880
C-T.GATG-GAGAAGG-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	A-G-T	. . . . .	A-A-A-A	. . . . .	T-G-A-G</td						

# PLV Complete Genomes

# Alignments

PLV Complete Genomes  
Genomes

300

	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Sp1-III	Sp1-II
H1B.FR.83.HXB2	CATCAGCTTGCTACAA.....	GGGACTTCCGCTG.....	GGGACTTTCAAGGGAGCGTG.....	GCTGGCGGG 9480
H1A1.UG.85.U455	AGACTGCTGA - CA - AG - GAC .....	A .....	GA - GA - G - T .....	G-TT - A 8940
H1C.ET.86.ETH220	..... - CA - CGGG - TTCCGCC .....	A .....	- G - AG - AG - G .....	T - 8881
H1D.CD.84.84ZR085	AGATTGCTGA - CA - AGAA - A - .....	A .....	- A - G - CG - CC .....	8975
H1F1.BE.93.V18085	..... - CA - AG - GAC - AG .....	A - CT .....	- G - C - G .....	AGAG - A 8778
H1G.SE.93.S6165	..... - CA - AGA - G - .....	.....	- G - A .....	A - A 8774
H1H.SE.93.956	..... - AA - AG - T - GCG .....	.....	- GA - GAGTG .....	T - 8798
H1K.CM.93.SE7887	..... - A - GATT - GA - ACTGT .....	A .....	.....	8779
H1K.CM.96.MP535	..... - A - GATT - GA - ACT .....	GC .....	.....	8604
O.BE.1987.ANT70	..... - A - GATT - GA - ACT .....	AGC .....	.....	AGTGGGAGGGACAGG - 9600
O.CM..BCF06	..... - A - GATT - GA - ACT .....	AA .....	.....	AGCGTGGGAGGGATA - A - C 9554
O.CM.1991.MVP5180	..... - A - GATT - GA - ACT .....	ACTGCTGACAC .....	.....	AGCGTGGGAGGGATA - A - C 9557
O.CM.1996.96CM102	..... - A - GATT - GA - AC .....	GT .....	.....	AGTGTGGGAGGGATAAAG - 9105
O.CM.1998.98CMAB141	..... - A - GATT - GA - ACT .....	AG .....	.....	AGCGTGGGAGGGACAGG - T - 9115
O.CM.1998.98CMAB197	..... - A - GATT - GA - GCT .....	AAC .....	.....	AGTGTGGGAGGGATAA - 9039
O.CM.1998.98CMU2901	..... - A - GATT - GA - ACT .....	AGCAG .....	.....	AGTGTGGGAGGGATAAG - 9043
O.CM.1998.98CMU537	..... - A - GGWT - GA - ACT .....	GC .....	.....	AGTGTGGGAGGGATAATG - C - 9049
O.CM.1999.99CMU4122	..... - A - GAT - GA - ACT .....	GC .....	.....	AGTGTGGGAGGGATAAG - C - 9057
FR.1992.11U	AGGA - GATT - GA - GCT .....	AAC .....	.....	AGTGTGGGAGGGACAG - C - 910
O.US.1999.99USTWLA	..... - AAGA - GATT - GA - A - .....	AG .....	.....	AGCGTGGGAGGGATAAAG - 9069
O.US.1999.1-2478B	..... - AGG - TT - GA - ACTG - T .....	CAA .....	.....	AGCGTGGGAGGGACA - A - C 9727
N.CM.1997.YBF106	..... - A - G - T - G - 999 .....	A - TAAT .....	.....	AGGAAGTGTGGTCGGGG - A - T - 9013
N.CM.2006.06CM-U14842	..... - AG - GA - TACTGCTGACAA .....	.....	.....	8637
N.CM.2002.DJ008131	..... - AG - GA - TACTGCTGACAA .....	.....	.....	8938
N.CM.2002.02CM-S1Gddd	..... - A - AT .....	.....	.....	8615
N.CM.2004.04CM-1015-04	..... - A - ATG .....	.....	.....	8926
N.CM.2004.04CM-1131-03	..... - A - ATG .....	.....	.....	8975
N.CM.2006.06CM-U14296	..... - AG - GA - TACTGCTGACAA .....	.....	.....	8545
H1N.CM.95.YBF30	..... - AG - GA - TACTGCTGACAA .....	.....	.....	GGTT . GGG - AGT - 9092
H1P.FR.06.RBF168	..... - AG - GA - TACTGCTGACAA .....	.....	.....	8554
H1P.FR.06.U14788	..... - AG - GA - TACTGCTGACAA .....	.....	.....	CGGAACAA - A - GA - 9110
CPZ.CD.98.ANT	CTG - CTA - AGT - GA - ACTGCA .....	A - AT .....	.....	GT - A - AT - G - C - 9335
CPZ.CM.05.SIVcpzCAM13	ACCGCTGACAG - G - AGA - .....	AA .....	.....	TC - AG - A - T - 9131
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	GGCGCATGCG - C - AAGAAC - .....	CA .....	.....	GT - A - CAT - G - C - 9192
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	CAA - GGACTTGT - CTG - .....	GA .....	.....	TTGGGGCTAAAC - T - K5 - 9051
CPZ.CM.05.SIVcpzEKS05	AGCGGCCATGCG - ACT - AA - AACGTGCTGACAA .....	A .....	.....	T - 8977
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	..... - A .....	TA - TG .....	CCA - G .....	CTTCCGGGAGGGT - T - AA - GA - 9012
CPZ.CM. - SIVcpzMB897	..... - A .....	GGGACTTTCCAGCA .....	CCAAGGGCG - GAG - C - 9011	
CPZ.CM. - SIVcpzDP943	..... - A .....	GTAA .....	CGGGAGGGCTG - CTA - G - C - 9092	
CPZ.CM.98.CAM5	AGCCAGAGC - CAGGC - G - GAACTGCTGACAA .....	CAA .....	TCAG - C - G - C - 9234	
CPZ.GA.88.GAB1	CCCCAGGC - CCCAGC - G - AGTAA .....	CAA .....	.....	
CPZ.GA.88.GAB2	CCCCAGGC - CCCAGC - G - AGTAA .....	CAA .....	.....	
CPZ.US.85.CPZUS	ACTGGCGCATGG - C - AAGAAC - .....	AA .....	.....	
CPZ.TZ.2001.TAN2	AAACCCGCAAGGG - TAAA .....	AA .....	.....	
CPZ.ZW.2002.TAN3 1	CTGCTGACTG - .....	TAA .....	.....	
GOR.CM.2004.04CM9072139 287	GGACTTCCGGGTGAC - GAA - AGA - CTGCTGATGA .....	TG - ACT .....	.....	
GOR.CM.2004.04CM9072135con	GGACTTCCGGGTGAC - GAA - AGA - CTGCTGATGA .....	TG - ACTT .....	.....	
RCM.CM.2004.04CM90801	AGACTTCCGGGTGAC - GAA - AGA - CTGCTGATGA .....	AT .....	.....	
RCM.CM.SIVvag-003CM312	AGACTTCCGGGTGAC - GAA - AGA - CTGCTGATGA .....	AT .....	.....	
RCM.GA.x.GAB1	AGACTTCCGGGTGAC - GAA - AGA - CTGCTGATGA .....	AT .....	.....	
RCM.NG.x.NG411	AGACTTCCGGGTGAC - GAA - AGA - CTGCTGATGA .....	AT .....	.....	
H2A.DE.x.BEN	TTGGTAGCTAAGG - GGA - TAGCTACT - .....	.....	.....	
H2B.CI.x.EHO	..... - GAACTAGCTAACA - TGA - .....	.....	.....	
H2G.CI.92.ABT96	..... - GCAAGA - AG - GGACAACTGACACAGCA .....	.....	.....	
H2U.FR.96.12034	..... - GCAAGA - AG - GGACAACTGACACAGCA .....	.....	.....	
SMM.SL.92.SL92B	..... - GCAAGA - AG - GGACAACTGACACAGCA .....	.....	.....	
MAC.US.x.239	..... - AACAGCA .....	A - AAG .....	.....	9917
STM.US.x.STM	..... - GACAGCA .....	A - AA .....	.....	GGGGAG - TACT - G - A - 9571
MNE.US.x.MNE027	..... - GACAGCA .....	ATAA .....	.....	GGGGAG - TACT - G - A - 9394
DEB.CM.SIVdeb4CMFP3061	ACCACATCTATG - A - G - CTA .....	T .....	.....	ATGGGGGG - TACT - G - C - 9265
DEB.CM.99.CM5	GGCG .....	A .....	.....	ATGACCTGCTCATGGT - TACAGGGGG - GACT - G - C - 9099
DEN.CD.x.CD1	ACCGCATCT - T - GC - - AGA - CC .....	A .....	.....	TCAGGGGG - G - CT - GA - 9537
LST.CD.88.447	.....	.....	.....	- A - 8546
LST.CD.88.485	.....	.....	.....	- A - 8549
LST.CD.88.524	.....	.....	.....	- A - 8552
LST.KE.x.lho7	CATGGC .....	AT - GCT - GCTG - .....	.....	9640
SUN.GA.98.L14	CGTAGAGTA .....	CGAGCA .....	.....	A968
MND.GA.x.MNDGB1	CGCAAAACACAT1C1AC - AGA - CTGCTGACACCTGCTT .....	A - C - ACC - GGA - .....	.....	8982
OLC.CI.97.97C112	..... - GACATG .....	.....	.....	8068
WRC.CI.97.97C114	..... - GACATG .....	.....	.....	9461
WRC.CI.98.98C104	..... - GACATG .....	.....	.....	9461
WRC.GM.05.Pbt.05GM_X02	..... - GACTTGT .....	TCAG .....	.....	9461
MND-2.CM.98.CM16	CCACAGAAAGTTG - C - TGGA - A - GACCTGCAAGAA - .....	G - G - TAGGCTAGTA .....	.....	9461
MND-2.CM.98.CM14	..... - GACTTGT .....	A .....	.....	9461
MND-2.CM.x.M14	CCACAGAAAGTTG - C - TGGA - A - GACCTGCAAGAA - .....	A .....	.....	9461
MND-2.CM.x.M5440	..... - GACTTGT .....	A .....	.....	9461
DRL.x.x.FAO	..... - GACTTGT .....	A .....	.....	9461
MON.CM.99.L1	GTGAGCTGCTG - TGA - .....	.....	.....	9461
GSN.CM.99.CN166	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
GSN.CM.99.CN71	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
TAL.CM.00.266	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
TAL.CM.81.8023	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
MUS-1.CM.91.9885	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
MUS-1.CM.91.CM1239	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
MUS-2.CM.01.CM1246	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
MUS-2.CM.01.CM1250	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
SYK.KE.x.KE51	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
SYK.KE.x.SYK173	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
GRV.ET.x.GRI_677	CTATGGAGTTGCTATG - TGATGACATTAAGAAC - .....	.....	.....	9461
SAB.SN.x.SABC	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
TAN.UG.x.TAN1	CTAGGCGCTTGGCTAG - AGATGACAT - AAGAAGTGTGACAGA .....	.....	.....	9461
VER.DE.x.AGM3	CA.GCCTTGG - TA - .....	.....	.....	9461
VER.KE.x.9063	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
VER.KE.x.AGM155	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
VER.KE.x.Y101_patent	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461
COL.CM.x.CGU1	..... - GACTTGT .....	.....	.....	9461



PLV Complete Genomes

H1B, FR, 83, HXB2		GGAACCC...ACTGCTTAA	.GCCTC.
H1A, FR, 85, J455			9011
H1D, FR, 86, ETH220			9011
H1D, ED, 84, 84ZFR085			9011
H1F1, BE, 93, V1850			9011
H1G, SE, 93, SE6165			9011
H1H, CF, 93, 056			9011
H1J, SE, 93, SF7887			9011
H1K, CM, 96, MP535			9011
O, BE, 1987, AN70			9011
O, CM, - , BCF06	CT	G-	CG-
O, CM, 1991, MVP5180	CT	G-	CG-
O, CM, 1996, 96CM102			9226
O, CM, 1998, 98CMAB141			9226
O, CM, 1998, 98CMAB197			9226
O, CM, 1998, 98CMU2901			9226
O, CM, 1999, 99CMU5333			9226
O, CM, 1999, 99CMU4122			9226
O, FN, 1992, VAU	CT	G-	CG-
O, US, 1999, 99USTWLA	CT	G-	CG-
O, US, - , I, 2478B	CT	G-	CG-
N, CM, 1997, YBF196			9186
N, CM, 2006, 06CM-U14842			9186
N, CM, 2002, DJ00131			9186
N, CM, 2002, 02CM-SJGddd			9186
N, CM, 2004, 04CM-1015-04			9186
N, CM, 2004, 04CM-1131-03			9186
N, CM, 2004, 06CM-U14296			9186
H1N, CM, 95, YBF30			9186
H1P, FR, 06, RBF168			9186
CPZ, CD, - , AN70	CA	-G--AAA	T-
CPZ, CM, 01, SIVcpzCAM13	AG		9259
CPZ, CM, 05, SIVcpzM866			9255
CPZ, CM, 05, SIVcpzM1145			9183
CPZ, CM, 05, SIVcpzEK505			9145
CPZ, CM, 05, SIVcpzLB7			9145
CPZ, CM, - , SIVcpzDP897	A-		9145
CPZ, CM, - , SIVcpzDP943			9222
CPZ, CM, 98, CAM5			9261
CPZ, GA, 88, GAB1			9703
CPZ, GA, 88, GAB2			9039
CPZ, US, 85, CPZUS			9676
CPZ, TZ, 2001, TAN2			9322
CPZ, TZ, 2002, TAN3, 1			9322
GOR, CM, 2000, SIVgor-2139, 287			9322
GOR, CM, 2007, SIVgorCP2135con			9322
GOR, CM, 2004, SIVgorCP684con			9221
RCM, CM, SIVrcm-02CM881	CT	AGTT-TCTG A-GG	AGGAGAACCCACTGCTTAAAG-
RCM, CM, SIVag1 - 00CM312	CT	AGTT-TCTG A-GG	AGGAGAACCCACTGCTTAAAG-
RCM, GA, x, GAB1	CT	-TGT-TCTGAAAG	AGGAGAACCCACTGCTTAAAG-
RCM, NG, x, NG411	CT	-GCTGGG	AGGAGAACCCACTGCTTAAAG-
H2A, DE, x, BEN		-AGTT-TCTG A-GG	AGGAGAACCCACTGCTTAAAG-
H2B, CI, x, EHO		-GCTGGG	AGGAGAACCCACTGCTTAAAG-
H2B, CI, 92, ABT96		-AGCTA-CT-TC ACC G-A	AGGAGAACCCACTGCTTAAAG-
H2U, FR, 96, 12034		-GCTGA-CT-TC ACC G-C	AGGAGAACCCACTGCTTAAAG-
SMI, SL, 92, SL92B		-GCTAA-CT-TC ACC A-AAG	AGGAGAACCCACTGCTTAAAG-
		.ACTAA-CT-TCAACC GCAACAGGCCATTGCTGGTAGAC	AGGAGAACCCACTGCTTAAAG-
			TAR element end
MAG, US, x, 239			10121
STM, US, x, SIV			9785
MNE, US, x, SIVNE027			9265
DEB, CM, SIVdeb04CMFP3061			9158
DEB, CM, 99, CMS5			9679
DEN, CD, x, CD1			8558
LST, CD, 88, 447			8558
LST, CD, 88, 485			8559
LST, CD, 88, 524			8559
LST, KE, x, lho7			8559
SUN, GA, 98, L14			8559
MND, 1, GA, x, MNDGB1			9161
OLC, CI, 97, 97CI12			9484
WRC, CI, 97, 97CI14			9461
WRC, CI, 98, 98CI04			8636
WRC, GM, 05, PB, 05GM_X02			9529
MND, 2, 0, 98, CM16			9448
MND, 2, 0, x, 5440			9448
DRL, x, X, FAO			9448
MON, CM, 99, L1			9448
GSN, CM, 99, CN166			9410
GSN, CM, 99, CN71			9338
TAL, CM, 00, 266			8845
TAL, CM, 01, 8023			9425
MUS, 1, CM, 01, 1085			9505
MUS, 1, CM, 01, CM1239			9484
MUS, 2, CM, 01, CM1246			9434
MUS, 2, CM, 01, CM2500			9505
SYK, KE, x, KES1			9484
SYK, KE, x, SIVK173			9434
GNV, KE, x, SIVGNR, 677			9484
SAB, SN, x, SAB1C			9448
TAN, UG, x, TAN1			9448
VER, DE, x, AGM3			9448
VER, KE, x, 9063			9448
VER, KE, x, AGM155			9448
VER, KE, x, TY01_patent			9448
COL, CM, x, CGU1			9726

	Poly-A signal	3' LTR R repeat end ~ 3' LTR U5 start		
H1B, FR, 83, HBX2	.AATAAG .. CTTGCC ..	.TTGAG .. TG .. CTTCAA .. GTAGTG .. TGTGCCGTC .. TG .. TT .. GTG .. TGACTCT .. GGT .. AA .. CTAGAGA ..	.TCCCT .. CAGA ..	CC 9690
H1A1, UG, 85, U455		.GTG .. -G ..	A-T ..	9031
H1C, ET, 86, ETH2220				8975
H1D, CD, 84, 84ZR085				8903
H1F1, BE, 93, V1850				9074
H1G, SE, 93, SE6165		AA-CC ..		8953
H1H, CF, 98, 056				8943
H1J, SE, 93, SE7887		G-CGATGC .. AAGC ..		8904
H1K, CM, 96, 05253		C ..		9754
H1L, 1991, ANT70		-AGAACG .. GTGT ..	CTCATCTGTTCAACCCCTGGGTCTAGAGA ..	0811
O, CM, 1991, MPV5180				9792
O, CM, 1996, 96CM102				9226
O, CM, 1998, 98CMAB141				9182
O, CM, 1998, 98CMAB197				9072
O, CM, 1998, 98CMU2901				9110
O, CM, 1998, 98CMU5337				9171
O, CM, 1999, 99CMU4122				9186
O, FR, 1992, VAU		-AGAACG ..		9330
O, US, 1999, 99USTWLA		-C ..		9186
O, US, -2478B				9881
N, CM, 997, YBF106				9545
N, CM, 2006, 04CM-U14842				8657
N, CM, 2008, D900131				8938
N, CM, 2002, 02CM-SJGddd				8913
N, CM, 2004, 04CM-1015-04				8926
N, CM, 2004, 04CM-1131-03				8975
N, CM, 2006, 06CM-U14296				8545
H1N, CM, 95, YBF30				9182
H1P, FR, 06, RBF168				8654
H1P, CM, 06, U14788				9238
CPZ, CD, 99, ANT		-CT .. CA ..		9068
CPZ, CM, 01, SIVcpzCAM13		-A .. -A ..		9284
CPZ, CM, 05, SIVcpzM66		-CGCA ..		9281
CPZ, CM, 05, SIVcpzM145		-CT .. AA ..		9008
CPZ, CM, 05, SIVcpzEK505		-CTGCA ..		9132
CPZ, CM, 05, SIVcpzLB1		-AA .. G ..		9170
CPZ, CM, - SIVcpzM897		-A .. G ..		9167
CPZ, CM, - SIVcpzDP943				9247
CPZ, CM, 98, CAM5				9261
CPZ, GA, 88, GAB1	TGTAT .. G .. A-C ..	-TA .. TA .. -C .. A .. AC ..	-GT .. -TCC ..	CTCAGAT .. TA ..
CPZ, GA, 88, GAB2	-CTC .. A .. A ..	-T-A .. TG .. -C .. A .. A ..	-GT .. -TCC ..	CTCAGAC .. TA ..
CPZ, US, 85, CPZUS	-CT .. A .. A ..	-TA .. C .. -C .. A ..		CTCAGAA .. -T ..
CPZ, TZ, 2001, TAN2	C .. TGA ..	-TTA ..		9754
CPZ, TZ, 2002, TAN3 1	C .. TGA ..	-TTA ..		9346
GOR, CM, 2007, SIVgor2139 287	A .. AA ..			9400
GOR, CM, 2008, SIVgorP2135con	A .. AA ..			9252
GOR, CM, 2014, SIVgorCP684con				9246
RCM, CM, SIVrcm-02CM8091	CTC .. C .. TA .. A .. A .. T .. TTGAA .. G .. C .. A ..	TGTGCCCATTT .. A .. CCTCAG .. GG .. AACGACTCTGGGTAGAGA ..	TC .. TCAG ..	ATATTGTCGAGAACGAT .. 9351
RCM, CM, SIVaci-00CM312	CTC .. C .. TA .. A .. A .. T .. TTGAA .. G .. C .. A ..	TGTGCCGTT .. A .. CCTCAG .. GG .. AACGACTCTGGGTAGAGA ..	TC .. TCAG ..	ATATTGTCGAGAACGAT .. 9274
RCM, GA .. x, GAB1	C .. A .. AG .. -AGTTTAC .. TG .. A .. GC .. A ..	TGTGCTGTGTT .. A .. CCTCTCAGCAGT .. AACGACTCTGGGTAG .. GA ..	TC .. TCAG ..	ATTCTTGTGGCAGAACG .. 9437
RCM, NG .. x, NG411	C .. ATGCTCTTAGTT .. -AACAGAACAT .. AGT ..	TCTCTCA .. TGAAGAACACTCTGGGT .. G .. GA ..	TC .. TCAG ..	ATTCTTGTGGCAGAACG .. 9528
H2A, DE .. x, BEN	A .. AG .. -AGA .. -A .. CAAGT .. AGT ..	TGT .. CCCATT .. TCT .. CCTAGTC .. CC .. GCCTGG .. CA .. TCGG .. GTTC .. TCTGA ..	TC .. TCAG ..	GTAAACAAGA .. CCTGGCTGTAGGACCCCTCTCGCT .. T10330
H2B, CI .. x, EHO	A .. TA .. -AGA .. -A .. CAAGAC .. AGT ..	TGT .. CCCAT .. TCT .. CCTAGTC .. CC .. GCCTGG .. CA .. TCGG .. .GCTCCAC ..	TA .. GAAA .. CCTGGCTGTAGGACCCCTCTCGCT .. T10213	9599
H2G, CI .. 92, ABT96	AAA .. -AGA .. -A .. TAAG .. -GTGT .. TGT ..			9607
H2U, FR, 96, 12034	G .. AAC .. -AGA .. -A .. CAAGTC ..			9613
SMU, SL, 92, SL92B				
	Poly-A signal	3' LTR R repeat end ~ 3' LTR U5 start		
MAC, US, x, 239	AT .. T .. -AGA .. A .. TAAG .. T .. GT .. -TGT .. CCCAT .. TCT .. CCTAGCC .. CC .. GCCTGG ..	.. CAAC .. TCGG .. -CTCAA ..	.. ATAAGAAGA .. CCTGGCTGTAGGACCCCTCTCGCT .. T10290	
STM, US, x, STM	AA .. T .. -AGA .. A .. TAAG .. T .. GT .. -TGT .. CCCAT .. TCT .. CCTAGTC .. CC .. GCCTGG ..	.. CAAC .. TCGG .. -CTCAA ..	.. GA .. CCTGGCTGTAGGACCCCTCTCGCT ..	0892
MNE, US, x, MN027	AT .. -AGA .. A .. TAAG .. C .. GT .. -TGC .. CCCAT .. TCT .. CCTAGTC .. CC .. GCCTGG ..			9664
DEB, CM, SIVdeb04CMPF3061				9265
DEB, CM, 99, CMS				9158
DEN, CD, x, CD1				9679
LST, CD, 88, 447				8588
LST, CD, 88, 485				8589
LST, CD, 88, 524				8589
LST, KE, x, lho7	AA .. TTGCTCATG .. T .. AAA .. TACAAGCTAGT .. CTCA .. AGTAGTC .. T .. TC .. CCTTC .. CCC ..	TGGTCAG .. GATC ..	T .. CA .. TAGAGAGATGGAGCTTGTGAT ..	9941
SUN, GA, 98, L14	C .. -AG .. -AG .. -TTTACTGCAAGCAA .. TGT .. CCCGTG .. -TCTC .. -TCTC ..	TTCTAA .. CCTCTGTCAGTCCTCTCG .. TAGGGAGC .. A ..	TTACTGG ..	9977
MND-1, GA .. x, MNDGB1	T .. AAC .. TAGAA .. TTAGA .. CA ..			9215
OLC, CI, 97, 97C12				8678
WRC, CM, 98, WRC014				9444
WRC, CM, 98, WRC04				9461
WRC, GM-05, PBT-05GM_X02	AG .. CTTTGTCTAGCA .. AAGCGTG .. GGTTAGTT .. TTGT .. -AAGAAGTAGAACCT .. G .. AG .. CT ..			8709
MND-2, CM, 98, CM16				9518
MND-2, x .. x, M14				9529
DRL, X .. x, FAO				9618
MON, CM, 99, L1				9618
GSN, CM, 99, CN166				9448
GSN, CM, 99, CN71				9410
TAL, CM, 00, 266				9338
TAL, CM, 01, 8023				8845
MUS, 1 .. CM, 01, 0885				920
MUS, 1 .. CM, 01, CM139				9508
MUS, 2 .. CM, 01, CM246				9484
MUS, 2 .. CM, 01, CM2500				9430
SYK, KE, x, K551				9068
SYK, KE, x, SYK173				9597
GRV, ET, x, GRI_677				9607
SAB, SN .. x, SAB1C				10016
TAN, UG, x, TAN1				9765
VER, DE, x, AGM3				9767
VER, KE, x, AGM63				9797
VER, KE, x, AGM155				9776
VER, KE, x, TY01_patent				9760

# PLV Complete Genomes

# Alignments

PLV Complete Genomes

Genomes

304

	3' LTR U5 end	
H1B.FR.83.HXB2	CTTTAGTCAGTGTGAAATCTCTAGCA..	9719
H1A1.UG.85.U455	AC-A--A-T.TGTGA-----	9178
H1C.ET.86.ETH220	.....	9031
H1D.CD.84.84ZR085	.....	8975
H1F.BE.93.VI850	.....	8974
H1G.SE.93.SE6165	.....	8903
H1H.SE.93.SE6166	.....	8953
H1I.SE.93.SE7887	.....	8943
H1K.CM.96.MP535	.....	8604
O.BE.1987.ANT70	.....	9754
O.CM.-BCF06	.....	9811
O.CM.1991.MVP5180	.....	9792
O.CM.1996.96CMIA02	.....	9226
O.CM.1998.98CMABB141	.....	9182
O.CM.1998.98CMABB197	.....	9072
O.CM.1998.98CMU2901	.....	9110
O.CM.1998.98CMU5337	.....	9171
O.CM.1999.99CMU4122	.....	9186
O.FR.1992.VAU	.....	9330
O.US.1995.GSTWLA	.....	9186
O.US.1997.24788	.....	9801
N.CM.1997.YBF106	.....	9045
N.CM.2006.06CM-U14842	.....	8637
N.CM.2002.DJ08131	.....	8938
N.CM.2002.02CM-S3Gddd	.....	8615
N.CM.2004.04CM-1015-04	.....	8926
N.CM.2004.04CM-1131-03	.....	8975
N.CM.2006.06CM-U14296	.....	8545
H1N.CM.95.YBF30	.....	9182
H1P.FR.06.RBF168	.....	8654
H1P.CM.06.U14788	.....	9238
CPZ.CD.98.ANT	.....	9068
CPZ.CM.81.SIVcpz:CAM13	.....	9284
CPZ.CM.83.SIVcpz:MB66	.....	911
CPZ.CM.83.SIVcpz:MT145	.....	9208
CPZ.CM.85.SIVcpz:EK505	.....	9132
CPZ.CM.85.SIVcpz:L7	.....	9170
CPZ.CM.-SIVcpz:MB897	.....	9167
CPZ.CM.-SIVcpz:DP943	.....	9247
CPZ.CM.98.CAM5	AA--ATA-.GTCAA-	9261
CPZ.GA.88.GAB1	AA.CATAA.G-A--	9811
CPZ.GA.88.GAB2	--AA-A-.GTA-GT-	9146
CPZ.US.85.CPZUS	.....	9781
CPZ.TZ.2001.TAN2	.....	9346
CPZ.TZ.2002.TAN2	.....	9400
GOR.CM.2007.SIVgor12139.287	.....	9252
GOR.CM.2004.SIVgor12135con	.....	916
GOR.CM.2004.SIVgor12135con	.....	9143
RCM.CM.SIVrcm-02CM8881	.AC-G-AGGCTAACAA-	9518
RCM.CM.SIVraq-00CH312	.C-CTTGGCGCCCGAACAGGAACTTGAAAGTGACTGAGGAACTCTGACGCCGGTCGGACCGAGGCGT.GGAAACGAGACCCAGTCAGGTAACACCTGGCTTCACAAGTCAGCAGAAAAAGGTTGCT	9437
RCM.GA.x.GAB1	.C-G-AGGCTAACAA-	9465
RCM.NG.x.NG411	.C-G.GGCTAACAA-T-C-GT-	9557
H2A.DE.x.BEN	AC-G-AGGCTAACAA-T-C-A-C-G-	10359
H2B.CT.x.EHO	GGGAATCCA-GCA-C-	10242
H2G.CT.92.ABT96	GGGAA-CCA-GCA-C-	9599
H2U.FR.96.12034	.....	9607
SMM.SL.92.SL92B	.....	9613
	3' LTR U5 end	
MAC.US.x.239	GGGAA-CCG-AGCA-C-----	10279
STM.US.x.XSTM	.....	9892
MNE.US.X.MNE027	.....	9664
DEB.CM.SIVdeb04CMPF3061	.....	9265
DEB.CM.99.CMS	.....	9158
DEN.CD.x.CD1	.....	9679
LST.CD.88.447	.....	8588
LST.CD.88.485	.....	8589
LST.CD.88.524	.....	8594
LST.KE.x.lho7	GGGAC--GGCT:CCA-GCC-AGTGATCC-G-CTG-CGG-----	9957
SUN.GA.98.L14	.....	10006
MND-1.GA.x.MNDGB1	.....	9215
OLC.CI.97.97CI12	.....	8678
WRC.CI.97.97CI14	.....	8484
WRC.CI.98.98CI04	.....	941
WRC.CM.05.P01.05GM_X02	.....	8709
MND-2.CM.98.CM16	.....	9518
MND-2.GA.x.M14	.....	9529
MND-2.x.x.M440	TAG-G-AGTAGAGAAA-----	9647
DRL.x.x.FAO	AG-GAGAGTAA-A-C-----	9731
MON.CM.99.L1	AG-----	9448
GSN.CM.99.CN166	.....	9414
GSN.CM.99.CN71	.....	9410
TAL.CM.00.266	.....	9338
TAL.CM.01.8023	.....	8845
MUS-1.CM.01.1085	.....	9420
MUS-1.CM.01.CM1239	.....	9508
MUS-2.CM.01.01246	.....	9434
MUS-2.CM.01.CM2500	.....	9430
SYK.KE.x.KE51	.....	9068
SYK.KE.x.SYK173	.....	9597
GRV.ET.x.GRI.677	G-G-G-G-A-C-----	9623
SAB.SN.x.SABIC	GA-A-GAA-CT-----	10036
TAN.UG.x.TAN1	GGC-G-C-----	9784
VER.DE.x.AGM3	AG-T-ATCCCCATGT-	9325
VER.KE.x.9063	GGC-G-A-C-----	9815
VER.KE.x.AGM155	GGGA-G-A-C-----	9794
VER.KE.x.TY01_patent	GGCAG-G-A-C-----	9778
COL.CM.x.CGU1	.....	8728

H1B.FR.83.HXB2  
H1A1.UG.85.U455  
H1C.ET.86.ETH085  
H1D.CD.84.84ZR085  
H1F.BE.93.VI850  
H1G.SE.93.SE6165  
H1H.SE.93.SE6166  
H1I.SE.93.SE7887  
H1K.CM.96.MP535  
O.BE.1987.ANT70  
O.CM.-BCF06  
O.CM.1991.MVP5180  
O.CM.1996.96CM102  
O.CM.1998.98CMABB141  
O.CM.1998.98CMABB197  
O.CM.1998.98CMU2901  
O.CM.1998.98CMU5337  
O.CM.1999.99CMU4122  
O.FR.1992.VAU  
O.US.1995.GTWLA  
O.US.1995.24788  
N.CM.1997.YBF106  
N.CM.2006.06CM-U14842  
N.CM.2002.DJ08131  
N.CM.2002.02CM-S3Gddd  
N.CM.2004.04CM-1015-04  
N.CM.2004.04CM-1131-03  
N.CM.2006.06CM-U14296  
H1N.CM.95.YBF30  
H1P.FR.06.RBF168  
H1P.CM.06.U14788  
CPZ.CD.98.ANT  
CPZ.CM.81.SIVcpz.CAM13  
CPZ.CM.83.SIVcpzMB66  
CPZ.CM.85.SIVcpzMT195  
CPZ.CM.85.SIVcpzEK595  
CPZ.CM.-SIVcpzLB7  
CPZ.CM.-SIVcpzMB897  
CPZ.CM.-SIVcpzDP943  
CPZ.CM.98.CAM5  
CPZ.GA.88.GAB1  
CPZ.GA.88.GAB2  
CPZ.US.85.CPZUS  
CPZ.TZ.2001.TAN2  
CPZ.TZ.2002.TAN2 1  
GOR.CM.2007.SIVgor.2139\_287  
GOR.CM.2007.SIVgor.PP135con  
GOR.CM.2004.SIVgor.PP684con  
RCM.CM.SIVrcm-02CM8081  
RCM.CM.SIVraq-00CH312  
AGGAAGGAAGCAGGGCAACCCGGTCAGGTACTGGCCCTCTAGGGAAAGCGAAAGGCCCTAGAGAAAGGGAGAAA.  
AGGAAGGAAGCAGGCACACCCGGTCAGGTACTGGCCCTCTAGGGAAAGGGTCAAGTCCTAGAGAAAGGGAGAAA.  
RCM.GA.x.GAB1  
RCM.NG.x.NG411  
H2A.DE.x.BEN  
H2B.CI.x.EHO  
H2G.CI.92.ABT96  
H2U.FR.96.12034  
SMM.SL.92.SL92B

MAC.US.x.239  
STM.US.x.STM  
MNE.US.x.MNE027  
DEB.CM.SIVdeb04CMPF3061  
DEB.CM.99.CMS  
DEN.CD.x.CD1  
LST.CD.88.447  
LST.CD.88.485  
LST.CD.88.524  
LST.KE.x.lho7  
SUN.GA.98.L14  
MND-1.GA.x.MNDGB1  
OLC.CI.97.97CI12  
WRC.CI.97.97CI14  
WRC.CI.98.98CI04  
WRC.GM.05.P01.05GM\_X02  
MND-2.CM.98.CM16  
MND-2.GA.x.M14  
MND-2.x.x.5440  
DRL.x.x.FAO  
MON.CM.99.L1  
GSN.CM.99.CN166  
GSN.CM.99.CN71  
TAL.CM.00.266  
TAL.CM.01.8023  
MUS-1.CM.01.1085  
MUS-1.CM.01.CM1239  
MUS-2.CM.01.CM1246  
MUS-2.CM.01.CM2500  
SYK.KE.x.KE51  
SYK.KE.x.SYK173  
GRV.ET.x.GRI.677  
SAB.SN.x.SABIC  
TAN.UG.x.TAN1  
VER.DE.x.AGM3  
VER.KE.x.9063  
VER.KE.x.AGM155  
VER.KE.x.TY01\_patent  
COL.CM.x.CGU1

9179  
9178  
9031  
8975  
8903  
9074  
8955  
8943  
8604  
9754  
9811  
9792  
9226  
9182  
9072  
9110  
9171  
9186  
9130  
9186  
9891  
9045  
8637  
8938  
8615  
8926  
8975  
8545  
9182  
8654  
9238  
9068  
9284  
9281  
9288  
9132  
9170  
9167  
9247  
9261  
9811  
9146  
9781  
9346  
9400  
9252  
9236  
9143  
9592  
9511  
9465  
9557  
10359  
10242  
9599  
9607  
9613

10279  
9892  
9664  
9265  
9158  
9679  
8588  
8589  
8594  
9957  
10006  
9215  
8678  
9484  
9461  
8709  
9518  
9529  
9647  
9731  
9448  
9414  
9410  
9338  
8845  
9420  
9508  
9494  
9430  
9068  
9057  
9623  
10036  
9784  
9325  
9815  
9794  
9778  
8728